

PCT

WELTORGANISATION FÜR GEISTIGES EIGENTUM  
Internationales Büro



INTERNATIONALE ANMELDUNG VERÖFFENTLICHT NACH DEM VERTRAG ÜBER DIE  
INTERNATIONALE ZUSAMMENARBEIT AUF DEM GEBIET DES PATENTWESENS (PCT)

(51) Internationale Patentklassifikation <sup>6</sup> :  
C12N 15/12, C07K 14/435, C12N 15/63,  
15/85, C07K 16/18, A61K 38/17, 48/00 A2

(11) Internationale Veröffentlichungsnummer: WO 99/55858

(43) Internationales  
Veröffentlichungsdatum: 4. November 1999 (04.11.99)

(21) Internationales Aktenzeichen: PCT/DE99/01258

(22) Internationales Anmeldedatum: 19. April 1999 (19.04.99)

(30) Prioritätsdaten:  
198 20 190.7 28. April 1998 (28.04.98) DE

(71) Anmelder (für alle Bestimmungsstaaten ausser US): META-  
GEN GESELLSCHAFT FÜR GENOMFORSCHUNG  
MBH [DE/DE]; Ihnestrasse 63, D-14195 Berlin (DE).

(72) Erfinder; und

(75) Erfinder/Anmelder (nur für US): SPECHT, Thomas [DE/DE];  
Grabenstrasse 14, D-12209 Berlin (DE). HINZMANN,  
Bernd [DE/DE]; Parkstrasse 19, D-13127 Berlin (DE).  
SCHMITT, Armin [DE/DE]; Laubacher Strasse 6/II,  
D-14197 Berlin (DE). PILARSKY, Christian [DE/DE];  
Heinrich-Lange-Strasse 13c, D-01474 Schönfeld-Weißig  
(DE). DAHL, Edgar [DE/DE]; Eleonore-Procheska-Strasse  
6, D-14480 Potsdam (DE). ROSENTHAL, André [DE/DE];  
Koppenplatz 10, D-10115 Berlin (DE).

(81) Bestimmungsstaaten: JP, US, europäisches Patent (AT, BE,  
CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC,  
NL, PT, SE).

Veröffentlicht

Ohne internationalen Recherchenbericht und erneut zu  
veröffentlichen nach Erhalt des Berichts.

(54) Title: HUMAN NUCLEIC ACID SEQUENCES OBTAINED FROM PANCREAS TUMOR TISSUE

(54) Bezeichnung: MENSCHLICHE NUKLEINSÄURESEQUENZEN AUS PANKREASTUMORGeweBE

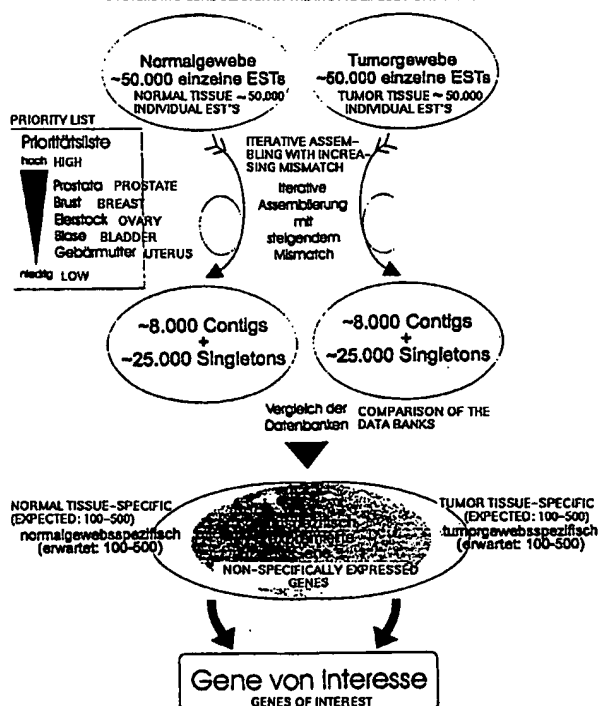
(57) Abstract

The invention relates to human nucleic acid sequences mRNA, cDNA, genomic sequences obtained from pancreas tumor tissue which code for the gene products or parts thereof, and to the utilization of said sequences. The invention also relates to polypeptides obtained via the sequences and to the utilization of said polypeptides.

(57) Zusammenfassung

Es werden menschliche Nukleinsäuresequenzen - mRNA, cDNA, genomische Sequenzen - aus Pankreastumorgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, und deren Verwendung beschrieben. Es werden weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung beschrieben.

Systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank  
SYSTEMATIC GENE SEARCH IN THE INCYTE LIFESEQ DATA BANK



BEST AVAILABLE COPY

# **LEDIGLICH ZUR INFORMATION**

Codes zur Identifizierung von PCT-Vertragsstaaten auf den Kopfbögen der Schriften, die internationale Anmeldungen gemäss dem PCT veröffentlichen.

AL	Albanien	ES	Spanien	LS	Lesotho	SI	Slowenien
AM	Armenien	FI	Finnland	LT	Litauen	SK	Slowakei
AT	Österreich	FR	Frankreich	LU	Luxemburg	SN	Senegal
AU	Australien	GA	Gabun	LV	Lettland	SZ	Swasiland
AZ	Aserbaidshan	GB	Vereinigtes Königreich	MC	Monaco	TD	Tschad
BA	Bosnien-Herzegowina	GE	Georgien	MD	Republik Moldau	TG	Togo
BB	Barbados	GH	Ghana	MG	Madagaskar	TJ	Tadschikistan
BE	Belgien	GN	Guinea	MK	Die ehemalige jugoslawische Republik Mazedonien	TM	Turkmenistan
BF	Burkina Faso	GR	Griechenland	ML	Mali	TR	Türkei
BG	Bulgarien	HU	Ungarn	MN	Mongolei	TT	Trinidad und Tobago
BJ	Benin	IE	Irland	MR	Mauretanien	UA	Ukraine
BR	Brasilien	IL	Israel	MW	Malawi	UG	Uganda
BY	Belarus	IS	Island	MX	Mexiko	US	Vereinigte Staaten von Amerika
CA	Kanada	IT	Italien	NE	Niger	UZ	Usbekistan
CF	Zentralafrikanische Republik	JP	Japan	NL	Niederlande	VN	Vietnam
CG	Kongo	KE	Kenia	NO	Norwegen	YU	Jugoslawien
CH	Schweiz	KG	Kirgisistan	NZ	Neuseeland	ZW	Zimbabwe
CI	Côte d'Ivoire	KP	Demokratische Volksrepublik Korea	PL	Polen		
CM	Kamerun	KR	Republik Korea	PT	Portugal		
CN	China	KZ	Kasachstan	RO	Rumänien		
CU	Kuba	LC	St. Lucia	RU	Russische Föderation		
CZ	Tschechische Republik	LI	Liechtenstein	SD	Sudan		
DE	Deutschland	LK	Sri Lanka	SE	Schweden		
DK	Dänemark	LR	Liberia	SG	Singapur		
EE	Estland						

### Menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Pankreastumorgewebe

Die Erfindung betrifft menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Pankreastumorgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, deren funktionale Gene, die mindestens ein biologisch aktives Polypeptid kodieren und deren Verwendung.

Die Erfindung betrifft weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung.

Eine der Hauptkrebstodesursachen ist der Pankreastumor, für dessen Bekämpfung neue Therapien notwendig sind. Bisher verwendete Therapien, wie z.B. Chemotherapie, Hormontherapie oder chirurgische Entfernung des Tumorgewebes, führen häufig nicht zu einer vollständigen Heilung.

Das Phänomen Krebs geht häufig einher mit der Über- oder Unterexpression gewisser Gene in den entarteten Zellen, wobei noch unklar ist, ob diese veränderten Expressionsraten Ursache oder Folge der malignen Transformation sind. Die Identifikation solcher Gene wäre ein wesentlicher Schritt für die Entwicklung neuer Therapien gegen Krebs. Der spontanen Entstehung von Krebs geht häufig eine Vielzahl von Mutationen voraus. Diese können verschiedenste Auswirkungen auf das Expressionsmuster in dem betroffenen Gewebe haben, wie z.B. Unter- oder Überexpression, aber auch Expression verkürzter Gene. Mehrere solcher Veränderungen durch solche Mutationskaskaden können schließlich zu bösartigen Entartungen führen. Die Komplexität solcher Zusammenhänge erschwert die experimentelle Herangehensweise sehr.

Für die Suche nach Kandidatengenen, d.h. Genen, die im Vergleich zum Tumorgewebe im normalen Gewebe stärker exprimiert werden, wird eine Datenbank verwendet, die aus sogenannten ESTs besteht. ESTs (Expressed Sequence Tags) sind Sequenzen von cDNAs, d.h. revers transkribierten mRNAs, den Molekülen also, die die Expression von Genen widerspiegeln. Die EST-Sequenzen werden für normale und entartete Gewebe ermittelt. Solche Datenbanken werden von verschiedenen Betreibern z.T. kommerziell angeboten. Die ESTs der LifeSeq-Datenbank, die hier verwendet wird, sind in der Regel zwischen 150 und 350 Nukleotide lang. Sie repräsentieren ein für ein bestimmtes Gen unverkennbares Muster, obwohl dieses Gen normalerweise sehr viel länger ist (> 2000 Nukleotide). Durch Vergleich der Expressionsmuster von normalen und Tumorgewebe können ESTs identifiziert werden, die für die Tumorentstehung und -proliferation wichtig sind. Es besteht jedoch folgendes Problem: Da durch unterschiedliche Konstruktionen der cDNA-Bibliotheken die gefundenen EST-Sequenzen zu unterschiedlichen Regionen eines unbekannten Gens gehören können, ergäbe sich in einem solchen Fall ein völlig falsches Verhältnis des Vorkommens dieser ESTs in dem jeweiligen Gewebe. Dieses würde erst bemerkt werden, wenn das vollständige Gen bekannt ist und somit die ESTs dem gleichen Gen zugeordnet werden können.

Es wurde nun gefunden, daß diese Fehlermöglichkeit verringert werden kann, wenn zuvor sämtliche ESTs aus dem jeweiligen Gewebstyp assembliert werden, bevor die Expressionsmuster miteinander verglichen werden. Es wurden also überlappende ESTs ein und desselben Gens zu längeren Sequenzen zusammengefaßt (s. Fig. 1, Fig. 2a und Fig.3). Durch diese Verlängerung und damit Abdeckung eines wesentlich größeren Genbereichs in jeder der jeweiligen Banken sollte der oben beschriebene Fehler weitgehendst vermieden werden. Da es hierzu keine bestehenden

Softwareprodukte gab, wurden Programme für das Assemblieren von genomischen Abschnitten verwendet, die abgewandelt eingesetzt und durch eigene Programme ergänzt wurden. Ein Flowchart der Assemblierungsprozedur ist in Fig. 2b1 – 2b4 dargestellt.

Es konnten nun die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 1-157, 597-617 gefunden werden, die als Kandidatengene beim Pankreastumor eine Rolle spielen.

Von besonderem Interesse sind die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 1-88, 90-96, 98-120, 123-140, 142-144, 597-617.

Die Erfindung betrifft somit Nukleinsäure-Sequenzen, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodieren, umfassend

a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 1-88, 90-96, 98-120, 123-140, 142-144, 597-617.

b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen

oder

c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.

Die Erfindung betrifft weiterhin eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq. ID No 1-88, 90-96, 98-120, 123-140, 142-144, 597-617 oder eine komplementäre oder allelische Variante davon und die Nukleinsäure-Sequenzen davon, die eine 90%ige bis 95% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweisen.

Die Erfindung betrifft auch die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 1-157, 597-617, die im Pankreastumorgewebe erhöht exprimiert sind.

Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, umfassend einen Teil der oben genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen Seq. ID No 1-157, 597-617 hybridisieren.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen weisen im allgemeinen eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp, vorzugsweise eine Länge von mindestens 150 bis 4000 bp, insbesondere eine Länge von 450 bis 3500 bp auf.

Mit den erfindungsgemäßen Teilsequenzen Seq. ID No 1-157, 597-617 können gemäß gängiger Verfahrenspraxis auch Expressionskassetten konstruiert werden, wobei auf der Kassette mindestens eine der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen zusammen mit mindestens einer dem Fachmann allgemein bekannten Kontroll- oder regulatorischen Sequenz, wie z. B. einem geeigneten Promotor,

kombiniert wird. Die erfindungsgemäßen Sequenzen können in sense oder antisense Orientierung eingefügt sein.

5 In der Literatur sind ist eine große Anzahl von Expressionskassetten bzw. Vektoren und Promotoren bekannt, die verwendet werden können.

Unter Expressionskassetten bzw. Vektoren sind zu verstehen: 1. bakterielle, wie z. B., phagescript, pBs,  $\phi$ X174, pBluescript SK, pBs KS, pNH8a, pNH16a, pNH18a, pNH46a (Stratagene), pTrc99A, pKK223-3, pKK233-3, pDR540, pRIT5 (Pharmacia),  
10 2. eukaryontische, wie z. B. pWLneo, pSV2cat, pOG44, pXT1, pSG (Stratagene), pSVK3, pBPV, pMSG, pSVL (Pharmacia).

Unter Kontroll- oder regulatorischer Sequenz sind geeignete Promotoren zu verstehen. Hierbei sind zwei bevorzugte Vektoren der pKK232-8 und der PCM7  
15 Vektor. Im einzelnen sind folgende Promotoren gemeint: lacI, lacZ, T3, T7, gpt, lambda P<sub>R</sub>, trc, CMV, HSV Thymidin-Kinase, SV40, LTRs aus Retrovirus und Maus Metallothionein-I.

Die auf der Expressionskassette befindlichen DNA-Sequenzen können ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.  
20

Die Expressionskassetten sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

25 Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Fragmente können zur Herstellung von Vollängen-Genen verwendet werden. Die erhältlichen Gene sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, sowie die aus der Verwendung erhältlichen Gen-Fragmente.  
30

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können mit geeigneten Vektoren in Wirtszellen gebracht werden, in denen als heterologer Teil die auf den Nukleinsäure-Fragmenten enthaltene genetischen Information befindet, die  
35 exprimiert wird.

Die die Nukleinsäure-Fragmente enthaltenden Wirtszellen sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

40 Geeignete Wirtszellen sind z. B. prokaryontische Zellsysteme wie E. coli oder eukaryontische Zellsysteme wie tierische oder humane Zellen oder Hefen.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können in sense oder antisense Form verwendet werden.  
45

Die Herstellung der Polypeptide oder deren Fragment erfolgt durch Kultivierung der Wirtszellen gemäß gängiger Kultivierungsmethoden und anschließender Isolierung und Aufreinigung der Peptide bzw. Fragmente, ebenfalls mittels gängiger Verfahren. Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, die mindestens eine  
50 Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodieren.

Ferner betrifft die vorliegende Erfindung Polypeptid-Teilsequenzen, sogenannte ORF (open-reading-frame)-Peptide, gemäß den Sequenzprotokollen Seq. ID No 158-596, 618-659.

- 5 Die Erfindung betrifft ferner die Polypeptid-Sequenzen, die mindestens eine 80%ige Homologie, insbesondere eine 90%ige Homologie zu den erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen der Seq. ID No 158-596, 618-659 aufweisen.

- 10 Die Erfindung betrifft auch Antikörper, die gegen ein Polypeptid oder Fragment davon gerichtet sind, welche von den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No 1-157, 597-617 kodiert werden.

Unter Antikörper sind insbesondere monoklonale Antikörper zu verstehen.

- 15 Die erfindungsgemäßen Antikörper können u.a. durch ein Phage Display Verfahren identifiziert werden. Auch diese Antikörper sind Gegenstand der Erfindung.

- 20 Die erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen können in einem Phage Display Verfahren verwendet werden. Die mit diesem Verfahren identifizierten Polypeptide, die an die erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen binden, sind auch Gegenstand der Erfindung.

- 25 Ebenso können die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen in einem Phage Display Verfahren verwendet werden.

- Die erfindungsgemäßen Polypeptide der Sequenzen Seq. ID No 158-596, 618-659 können auch als Tool zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Pankreastumor verwendet werden, was ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist.

- 30 Ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist die Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No 1-157, 597-617 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Pankreastumor verwendet werden können.

- 35 Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der gefundenen Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No 158-596, 618-659 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung gegen den Pankreastumor, bzw. zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung gegen den Pankreastumor.

- 40 Die Erfindung betrifft auch Arzneimittel, die mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No 158-596, 618-659 enthalten.

- Die gefundenen erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können auch genomische oder mRNA-Sequenzen sein.

- 45 Die Erfindung betrifft auch genomische Gene, ihre Exon- und Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No 1-157, 597-617, sowie deren Verwendung zusammen mit geeigneten regulativen Elementen, wie geeigneten Promotoren und/ oder Enhancern.

Mit den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren (cDNA-Sequenzen) Seq. ID No 1-157, 597-617 werden genomische BAC-, PAC- und Cosmid-Bibliotheken gescreent und über komplementäre Basenpaarung (Hybridisierung) spezifisch humane Klone isoliert. Die so isolierten BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden mit Hilfe der  
5 Fluoreszenz-in-situ-Hybridisation auf Metaphasenchromosomen hybridisiert und entsprechende Chromosomenabschnitte identifiziert, auf denen die entsprechenden genomischen Gene liegen. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden sequenziert, um die entsprechenden genomischen Gene in ihrer vollständigen Struktur (Promotoren, Enhancer, Silencer, Exons und Introns) aufzuklären. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone  
10 können als eigenständige Moleküle für den Gentransfer eingesetzt werden (s. Fig. 5).

Die Erfindung betrifft auch BAC-, PAC- und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID No 1-157, 597-617, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.

## Bedeutungen von Fachbegriffen und Abkürzungen

Nukleinsäuren= Unter Nukleinsäuren sind in der vorliegenden Erfindung zu verstehen: mRNA, partielle cDNA, vollständige cDNA und genomische Gene (Chromosomen).

ORF = Open Reading Frame, eine definierte Abfolge von Aminosäuren, die von der cDNA-Sequenz abgeleitet werden kann.

Contig = eine Menge von DNA-Sequenzen, die aufgrund sehr großer Ähnlichkeiten zu einer Sequenz zusammengefaßt werden können (Consensus)

Singleton= ein Contig, der nur eine Sequenz enthält

Modul = Domäne eines Proteins mit einer definierten Sequenz, die eine strukturelle Einheit darstellt und in unterschiedlichen Proteinen vorkommt

N = wahlweise das Nukleotid A, T, G oder C

X = wahlweise eine der 20 natürlich vorkommenden Aminosäuren

## Erklärung zu den Alignmentparametern

minimal initial match= minimaler anfänglicher Identitätsbereich

maximum pads per read= maximale Anzahl von Insertionen

maximum percent mismatch= maximale Abweichung in %

## Erklärung der Abbildungen

Fig. 1 zeigt die systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank.

Fig. 2a zeigt das Prinzip der EST-Assemblierung

Fig. 2b1-2b4 zeigt das gesamte Prinzip der EST-Assemblierung

Fig. 3 zeigt die in silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben

Fig. 4a zeigt die Bestimmung der gewebsspezifischen Expression über elektronischen Northern.

Fig. 4b zeigt den elektronischen Northern

Fig. 5 zeigt die Isolierung von genomischen BAC- und PAC-Klonen.

Die nachfolgenden Beispiele erläutern die Herstellung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, ohne die Erfindung auf diese Beispiele und Nukleinsäure-Sequenzen zu beschränken.

5

## Beispiel 1

### Suche nach Tumor-bezogenen Kandidatengen

10

15

20

25

Zuerst wurden sämtliche ESTs des entsprechenden Gewebes aus der LifeSeq-Datenbank (vom Oktober 1997) extrahiert. Diese wurden dann mittels des Programms GAP4 des Staden-Pakets mit den Parametern 0% mismatch, 8 pads per read und einem minimalen match von 20 assembliert. Die nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen (Fails) wurden erst bei 1% mismatch und dann nochmals bei 2% mismatch mit der Datenbank assembliert. Aus den Contigs der Datenbank, die aus mehr als einer Sequenz bestanden, wurden Consensussequenzen errechnet. Die Singletons der Datenbank, die nur aus einer Sequenz bestanden, wurden mit den nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen bei 2% mismatch erneut assembliert. Wiederum wurden für die Contigs die Consensussequenzen ermittelt. Alle übrigen ESTs wurden bei 4% mismatch erneut assembliert. Die Consensussequenzen wurden abermals extrahiert und mit den vorherigen Consensussequenzen sowie den Singletons und den nicht in die Datenbank aufgenommenen Sequenzen abschließend bei 4% mismatch assembliert. Die Consensussequenzen wurden gebildet und mit den Singletons und Fails als Ausgangsbasis für die Gewebsvergleiche verwendet. Durch diese Prozedur konnte sichergestellt werden, daß unter den verwendeten Parametern sämtliche Sequenzen von einander unabhängige Genbereiche darstellten.

30

Fig. 2b1-2b4 veranschaulicht die Verlängerung der Pankreasgewebs ESTs.

35

Die so assemblierten Sequenzen der jeweiligen Gewebe wurden anschließend mittels des gleichen Programms miteinander verglichen (Fig. 3). Hierzu wurden erst alle Sequenzen des ersten Gewebes in die Datenbank eingegeben. (Daher war es wichtig, daß diese voneinander unabhängig waren.)

40

Dann wurden alle Sequenzen des zweiten Gewebes mit allen des ersten verglichen. Das Ergebnis waren Sequenzen, die für das erste bzw. das zweite Gewebe spezifisch waren, sowie welche, die in beiden vorkamen. Bei Letzteren wurde das Verhältnis der Häufigkeit des Vorkommens in den jeweiligen Geweben ausgewertet. Sämtliche, die Auswertung der assemblierten Sequenzen betreffenden Programme, wurden selbst entwickelt.

45

Alle Sequenzen, die mehr als viermal in jeweils einem der verglichenen Gewebe vorkamen, sowie alle, die mindestens fünfmal so häufig in einem der beiden Gewebe vorkamen wurden weiter untersucht. Diese Sequenzen wurden einem elektronischen Northern (s. Beispiel 2.1) unterzogen, wodurch die Verteilung in sämtlichen Tumor- und Normal-Geweben untersucht wurde (s. Fig. 4a und Fig. 4b). Die relevanten Kandidaten wurden dann mit Hilfe sämtlicher Incyte ESTs und allen ESTs öffentlicher Datenbanken verlängert (s. Beispiel 3). Anschließend wurden die Sequenzen und ihre Übersetzung in mögliche Proteine mit allen Nukleotid- und Proteindatenbanken verglichen, sowie auf mögliche, für Proteine kodierende Regionen untersucht.

50

## Beispiel 2

### Algorithmus zur Identifikation und Verlängerung von partiellen cDNA-Sequenzen mit verändertem Expressionsmuster

Im folgenden soll ein Algorithmus zur Auffindung über- oder unterexprimierter Gene erläutert werden. Die einzelnen Schritte sind der besseren Übersicht halber auch in einem Flußdiagramm zusammengefaßt (s. Fig. 4b).

#### 2.1 Elektronischer Northern-Blot

Zu einer partiellen DNA-Sequenz S, z. B. einem einzelnen EST oder einem Contig von ESTs, werden mittels eines Standardprogramms zur Homologiesuche, z. B. BLAST (Altschul, S. F., Gish W., Miller, W., Myers, E. W. und Lipman, D. J. (1990) *J. Mol. Biol.*, **215**, 403-410), BLAST2 (Altschul, S. F., Madden, T. L., Schaffer, A. A., Zhang, J., Zhang, Z., Miller, W. und Lipman, D. J. (1997) *Nucleic Acids Research* **25** 3389-3402) oder FASTA (Pearson, W. R. und Lipman, D. J. (1988) *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* **85** 2444-2448), die homologen Sequenzen in verschiedenen nach Geweben geordneten (privaten oder öffentlichen) EST-Bibliotheken bestimmt. Die dadurch ermittelten (relativen oder absoluten) Gewebe-spezifischen Vorkommenshäufigkeiten dieser Partial-Sequenz S werden als elektronischer Northern-Blot bezeichnet.

##### 2.1.1

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 17 gefunden, die 13,3 .x stärker im normalen Pankreastumorgewebe als im normalem Pankreasgewebe vorkommt.

Das Ergebnis ist wie folgt:

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 17

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0038	0.3403	2.9389
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0221	0.0748	13.3713
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

In analoger Verfahrensweise wurden auch folgende Northern gefunden:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 1

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0117	0.0026	4.5763	0.2185
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0007	0.0010	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0031	0.0000	undef	0.0000
20	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
30	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
35	Zervix	0.0000			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
40	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
45	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
50	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
60	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
65	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 2

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0007	0.0021	0.3600	2.7779
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0041	0.0000	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 3

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0221	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0087			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 4

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0038	0.0019	2.0416	0.4898
	Duenn darm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0221	0.0000	undef
	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0087	0.0021	4.0945	0.2442
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0213			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 5

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0312	0.0256	1.2204	0.8194
	Brust	0.0371	0.0282	1.3157	0.7601
	Duenn darm	0.0368	0.0662	0.5561	1.7982
	Eierstock	0.0240	0.0494	0.4847	2.0630
	Endokrines Gewebe	0.0324	0.0476	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0345	0.0694	0.4970	2.0121
	Gehirn	0.0333	0.0308	1.0799	0.9260
	Haematopoetisch	0.0388	0.1136	0.3411	2.9315
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0285	0.0065	4.4118	0.2267
15	Herz	0.0413	0.0137	3.0068	0.3326
	Hoden	0.0288	0.0234	1.2299	0.8130
	Lunge	0.0249	0.0286	0.8709	1.1482
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0307	0.9454	1.0578
	Muskel-Skelett	0.0171	0.0120	1.4278	0.7004
20	Niere	0.0217	0.0479	0.4532	2.2067
	Pankreas	0.0132	0.0552	0.2393	4.1785
	Penis	0.0479	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0196	0.0192	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0473	0.0528	0.8962	1.1158
25	Uterus_Myometrium	0.0457	0.0611	0.7482	1.3366
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0448			
	Prostata-Hyperplasie	0.0208			
	Samenblase	0.0178			
30	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0434			
	Zervix	0.0532			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.1809			
	Gastrointestinal	0.0361			
	Gehirn	0.0125			
40	Haematopoetisch	0.0433			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0640			
	Lunge	0.0361			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0371			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0377			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0204			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0128			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0356			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0246			
	Nerven	0.0050			
65	Prostata	0.0410			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0250			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 6

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0077	0.5085	1.9666
	Brust	0.0179	0.0056	3.1758	0.3149
	Duennndarm	0.0123	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0182	0.1645	6.0803
	Endokrines_Gewebe	0.0153	0.0050	3.0566	0.3272
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef
	Gehirn	0.0022	0.0010	2.1599	0.4630
	Haematopoetisch	0.0120	0.0379	0.3176	3.1487
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0093	0.0061	1.5241	0.6561
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0087	0.0021	4.0945	0.2442
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0087			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0126			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0152			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0052			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0291			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 7

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 8

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0026	4.5763	0.2185
	Brust	0.0090	0.0207	0.4331	2.3091
	Duenn darm	0.0245	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0180	0.0963	0.1867	5.3565
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0881	0.0694	1.2701	0.7873
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0453	0.0000	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0125	0.0123	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre	0.0387	0.0077	5.0421	0.1983
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0087	0.0511	0.1706	5.8615
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0288			
	Prostata-Hyperplasie	0.0416			
	Samenblase	0.1157			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0213			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0250			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0108			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0253			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0244			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0246			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 9

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0273	0.0153	1.7797	0.5619
	Brust	0.0077	0.0169	0.4537	2.2042
	Duennndarm	0.0123	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0156	0.3838	2.6058
	Endokrines_Gewebe	0.0255	0.0376	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0211	0.0046	4.5559	0.2195
	Gehirn	0.0111	0.0246	0.4500	2.2223
	Haematopoetisch	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0143	0.0129	1.1029	0.9067
15	Herz	0.0223	0.0137	1.6190	0.6176
	Hoden	0.0058	0.0351	0.1640	6.0979
	Lunge	0.0187	0.0225	0.8313	1.2029
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0153	1.8908	0.5289
	Muskel-Skelett	0.0257	0.0180	1.4278	0.7004
20	Niere	0.0081	0.0205	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0050	0.0331	0.1496	6.6857
	Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0305	0.0170	1.7913	0.5582
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0457	0.0204	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0268			
	Samenblase	0.0267			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0121			
	Zervix	0.0213			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0139			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0157			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0108			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0499			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0204			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0304			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0047			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0110			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Uterus_n	0.0042			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 10

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0102	0.3814	2.6222
	Brust	0.0064	0.0094	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0052	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0025	3.3962	0.2944
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0007	0.0041	0.1800	5.5559
	Haematopoetisch	0.0027	0.0758	0.0353	28.3379
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0031	0.0102	0.3048	3.2806
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0054	0.0137	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0109	0.0043	2.5591	0.3908
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0052			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0126			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0047			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0080			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 11

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0026	0.0056	0.4537	2.2042
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0090	0.0104	0.8634	1.1582
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0025	2.0377	0.4907
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef
	Gehirn	0.0022	0.0031	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0021	0.0020	1.0161	0.9842
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0077	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0000	0.0267	0.0000	undef
	Prostata	0.0044	0.0085	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0304			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0228			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0050			
65	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 12

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0077	2.0339	0.4917
	Brust	0.0090	0.0056	1.5879	0.6298
	Duenn darm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0052	0.5756	1.7372
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0125	0.2717	3.6805
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0046	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0052	0.0092	0.5600	1.7858
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0137	0.0771	12.9706
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0021	0.0020	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0109	0.0137	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0060	0.0267	0.2246	4.4517
	Prostata	0.0022	0.0043	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0043			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0125			
40	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 13

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0051	0.0113	0.4537	2.2042
	Duenn darm	0.0215	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0077	0.0093	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0022	0.0041	0.5400	1.8520
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0388	0.1225	8.1599
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0052	0.0123	0.4234	2.3620
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0307	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0163	0.0137	1.1896	0.8406
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0087	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0068	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0043			
	Zervix	0.0213			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0083			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0203			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0090			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 14

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0026	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0090	0.0026	3.4538	0.2895
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0044	0.0031	1.4399	0.6945
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0062	0.0041	1.5241	0.6561
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0204			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0041			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 15

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0038	0.0038	1.0208	0.9796
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0025	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0044	0.0113	0.3927	2.5464
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0021	0.0137	0.1542	6.4853
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0120	0.0000	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0128	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0157			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0152			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0060			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 16

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0026	0.0038	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0031	0.0165	0.1854	5.3946
	Eierstock	0.0000	0.0104	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0046	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0059	0.0041	1.4399	0.6945
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0109	0.0068	1.5861	0.6305
	Pankreas	0.0017	0.0221	0.0748	13.3713
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0528	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0126			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0058			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0070			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 18

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0077	1.5254	0.6555
	Brust	0.0026	0.0038	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0050	2.7170	0.3681
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0030	0.0051	0.5760	1.7362
	Haematopoetisch	0.0053	0.0379	0.1412	7.0845
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0194	0.0000	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0031	0.0041	0.7621	1.3122
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0109	0.0043	2.5591	0.3908
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0954	0.0000	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0069			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0203			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0035			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0162			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 19

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0026	1.5254	0.6555
	Brust	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0150	0.0052	2.8781	0.3474
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0139	0.6903	1.4487
	Gehirn	0.0037	0.0041	0.8999	1.1112
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600
15	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0031	0.0061	0.5080	1.9684
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0230	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0027	0.0137	0.1983	5.0439
	Pankreas	0.0000	0.0221	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0065	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0499			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0090			
65	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 20

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0007	0.0010	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0062	0.0020	3.0482	0.3281
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0221	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0017			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 21

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0051	3.0509	0.3278
	Brust	0.0077	0.0056	1.3611	0.7347
	Duennndarm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0000	0.0041	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0230	0.8404	1.1900
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0060	1.9989	0.5003
20	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0043	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0136	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0145			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0476			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 22

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0077	1.0170	0.9833
	Brust	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0077	0.0093	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0037	0.0031	1.1999	0.8334
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0031	0.0061	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0060	1.4278	0.7004
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0221	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0044	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0208			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0244			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0040			
65	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 23

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0025	1.3585	0.7361
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0046	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0015	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0042	0.0041	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0954	0.0534	18.7357
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0178			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0249			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0232			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 24

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0102	0.0056	1.8147	0.5510
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0025	3.3962	0.2944
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0093	0.2071	4.8289
	Gehirn	0.0022	0.0031	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0194	0.4902	2.0400
15	Herz	0.0011	0.0137	0.0771	12.9706
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0031	0.0020	1.5241	0.6561
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0120	0.0000	undef
20	Niere	0.0081	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0064	0.6824	1.4654
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0068	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein	0.0204	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0111			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 25

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0026	0.0094	0.2722	3.6736
	Duenn darm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0050	0.3396	2.9444
10	Gastrointestinal	0.0115	0.0231	0.4970	2.0121
	Gehirn	0.0037	0.0021	1.7999	0.5556
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0275	0.0771	12.9706
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0073	0.0020	3.5562	0.2812
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5711	1.7510
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0218	0.0341	0.6398	1.5631
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0178			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0126			
50					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0052			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 26

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35					
40					
45					
50					
55					
60					
65					

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 27

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0077	1.0170	0.9833
	Brust	0.0128	0.0150	0.8507	1.1756
	Duennndarm	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0359	0.0182	1.9736	0.5067
	Endokrines_Gewebe	0.0273	0.0226	1.2076	0.8281
10	Gastrointestinal	0.0153	0.0185	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0133	0.0144	0.9257	1.0803
	Haematopoetisch	0.0201	0.0379	0.5293	1.8892
	Haut	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0259	0.1838	5.4400
15	Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0166	0.0123	1.3548	0.7381
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0077	2.5211	0.3967
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0060	1.4278	0.7004
20	Niere	0.0217	0.0137	1.5861	0.6305
	Pankreas	0.0017	0.0221	0.0748	13.3713
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0153	0.0106	1.4331	0.6978
	Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0408	0.3741	2.6732
	Uterus_allgemein	0.0255	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0178			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0087			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0111			
	Gehirn	0.0188			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0145			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0247			
	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0186			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0486			
	Hoden	0.0386			
	Lunge	0.0328			
	Nerven	0.0151			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0333			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 28

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0153	0.5085	1.9666
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0210	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines Gewebe	0.0068	0.0025	2.7170	0.3681
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0030	0.0051	0.5760	1.7362
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0137	0.1542	6.4853
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0125	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0307	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0033	0.0387	0.0855	11.6999
	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0111			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0204			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0291			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 29

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0013	0.0019	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0050	1.0189	0.9815
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0022	0.0021	1.0799	0.9260
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0257	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0031	0.0020	1.5241	0.6561
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefasse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0490			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0070			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 30

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0128	0.6102	1.6389
	Brust	0.0102	0.0244	0.4188	2.3879
	Duennndarm	0.0153	0.0165	0.9268	1.0789
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0025	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0115	0.0231	0.4970	2.0121
	Gehirn	0.0081	0.0175	0.4659	2.1466
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0190	0.0647	0.2941	3.4000
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0052	0.0143	0.3629	2.7557
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0537	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0060	1.9989	0.5003
20	Niere	0.0217	0.0548	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0000	0.0221	0.0000	undef
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0043	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0052			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0278			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0076			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0155			
	Uterus_n	0.0083			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 31

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0026	3.0509	0.3278
	Brust	0.0026	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0052	0.0062	0.8400	1.1905
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0061	0.1693	5.9051
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0106	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0954	0.0000	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0247			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0249			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 32

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0128	0.3051	3.2777
	Brust	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0037	0.0154	0.2400	4.1669
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0064	0.0137	0.4626	2.1618
	Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0031	0.0123	0.2540	3.9367
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0060	1.7133	0.5837
20	Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0017	0.0387	0.0427	23.3998
	Penis	0.0000	0.0267	0.0000	undef
	Prostata	0.0022	0.0021	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0083			
	Gehirn	0.0188			
40	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0108			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0093			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0070			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 33

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0026	3.0509	0.3278
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0030	0.0031	0.9599	1.0417
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0061	0.1693	5.9051
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0064	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0499			
	Sinnesorgane	0.0000			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 34

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 35

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm	0.0000	0.0165	0.0000	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 36

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0221	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 37

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0026	1.5254	0.6555
	Brust	0.0026	0.0038	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0061	0.0165	0.3707	2.6973
	Eierstock	0.0120	0.0026	4.6050	0.2172
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0093	0.2071	4.8289
	Gehirn	0.0103	0.0062	1.6799	0.5953
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0031	0.0041	0.7621	1.3122
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0043	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0043			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestenstinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0052			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0246			
	Nerven	0.0090			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 38

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Duenndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0102	0.0025	4.0755	0.2454
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0030	0.0041	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0275	0.0771	12.9706
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0120	0.1428	7.0040
20	Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0021	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0178			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0035			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0050			
65	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 39

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0038	0.0019	2.0416	0.4898
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef
	Gehirn	0.0059	0.0010	5.7597	0.1736
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5711	1.7510
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0043	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0050			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0155			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 40

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0041	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0136	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0043			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0285			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 41

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0115	0.0075	1.5312	0.6531
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0210	0.0026	8.0588	0.1241
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0025	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0077	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0067	0.0051	1.2959	0.7716
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0011	0.0137	0.0771	12.9706
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0021	0.0020	1.0161	0.9842
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0221	0.0748	13.3713
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0218	0.0192	1.1374	0.8792
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0069			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0251			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0612			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0047			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0208			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 42

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0102	0.0000	undef
	Brust	0.0038	0.0019	2.0416	0.4898
	Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0075	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0111	0.0031	3.5998	0.2778
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0042	0.0041	1.0161	0.9842
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0533	0.0562	17.8070
	Prostata	0.0109	0.0149	0.7312	1.3677
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0136	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0267			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0040			
65	Prostata	0.0274			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 43

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0051	1.5254	0.6555
	Brust	0.0026	0.0113	0.2268	4.4083
	Duenn darm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0026	2.3025	0.4343
	Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0075	1.8113	0.5521
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0139	0.6903	1.4487
	Gehirn	0.0059	0.0092	0.6400	1.5626
	Haematopoetisch	0.0094	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0173	0.0117	1.4759	0.6775
	Lunge	0.0135	0.0061	2.2015	0.4542
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5711	1.7510
20	Niere	0.0027	0.0137	0.1983	5.0439
	Pankreas	0.0033	0.0221	0.1496	6.6857
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0131	0.0128	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0178			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0087			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0204			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0035			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 44

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0234	0.0026	9.1527	0.1093
	Brust	0.0077	0.0094	0.8166	1.2245
	Duenn darm	0.0123	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0050	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0139	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0015	0.0021	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0129	0.3676	2.7200
15	Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0052	0.0020	2.5402	0.3937
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0077	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0081	0.0137	0.5948	1.6813
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0150	0.0800	0.1872	5.3421
	Prostata	0.0109	0.0085	1.2795	0.7815
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0078			
	Zervix	0.0213			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0108			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0408			
55	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0130			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 45

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0102	0.0000	undef
	Brust	0.0051	0.0056	0.9074	1.1021
	Duennndarm	0.0092	0.0331	0.2781	3.5964
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines Gewebe	0.0051	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0046	1.2425	0.8048
	Gehirn	0.0052	0.0082	0.6300	1.5874
	Haematopoetisch	0.0107	0.0379	0.2823	3.5422
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0021	0.0412	0.0514	19.4559
	Hoden	0.0115	0.0234	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0083	0.0020	4.0643	0.2460
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0153	0.0085	1.7913	0.5582
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0069			
	Zervix	0.0106			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0083
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0039
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0108
45	Nebenniere	0.0254
	Niere	0.0062
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0340
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0093
	Gastrointestinal	0.0000
60	Haematopoetisch	0.0456
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0231
	Lunge	0.0410
	Nerven	0.0040
65	Prostata	0.0137
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0083

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 46

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0026	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0041	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 47

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0026	3.0509	0.3278
	Brust	0.0038	0.0038	1.0208	0.9796
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0025	2.7170	0.3681
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0044	0.0062	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0230	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0060	0.8567	1.1673
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0178			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0188			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0108			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0251			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0131			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 48

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0267	0.0000	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 49

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0013	0.0038	0.3403	2.9389
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0130	0.2303	4.3431
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0025	1.3585	0.7361
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0052	0.0062	0.8400	1.1905
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0031	0.0020	1.5241	0.6561
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856	3.5020
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0221	0.0748	13.3713
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0043	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0082			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0060			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 50

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0026	0.0019	1.3611	0.7347
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0064	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0083			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0017			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 51

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0026	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0060	0.0078	0.7675	1.3029
10	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0025	1.3585	0.7361
	Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0030	0.0021	1.4399	0.6945
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0136			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0041			
	Gastrointestinal	0.0000			
70	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
75	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 52

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0259	0.0000	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 53

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
				%Haeufigkeit	N/T T/N
5	Blase	0.0078	0.0153	0.5085	1.9666
	Brust	0.0051	0.0132	0.3889	2.5715
	Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0208	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0025	3.3962	0.2944
	Gastrointestinal	0.0019	0.0093	0.2071	4.8289
	Gehirn	0.0030	0.0041	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0138	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0234	0.0000	undef
20	Lunge	0.0031	0.0102	0.3048	3.2806
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0153	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0060	1.7133	0.5837
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0000	0.0276	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0085	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
30	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0156			
	Zervix	0.0213			
40	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
45	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0142			
	Lunge	0.0072			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
55	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0152			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0246			
65	Nerven	0.0050			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 54

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0390	0.0230	1.6949	0.5900
	Brust	0.0064	0.0056	1.1342	0.8817
	Duennndarm	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0270	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0046	2.0708	0.4829
	Gehirn	0.0007	0.0041	0.1800	5.5559
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0275	0.0385	25.9412
	Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0230	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0120	0.2856	3.5020
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0221	0.0748	13.3713
	Penis	0.0449	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0109	0.0043	2.5591	0.3908
	Uterus_Endometrium	0.0608	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0610	0.0408	1.4964	0.6683
	Uterus_allgemein	0.0255	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0178			
	Samenblase	0.0267			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0204			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0017			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 55

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0128	0.6102	1.6389
	Brust	0.0051	0.0075	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0150	0.0052	2.8781	0.3474
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0201	0.1698	5.8889
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0096	0.0051	1.8719	0.5342
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0000	0.0275	0.0000	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0061	0.1693	5.9051
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0077	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0120	0.2856	3.5020
20	Niere	0.0081	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0221	0.0000	undef
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0021	3.0709	0.3256
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0136	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0267			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0087			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0052			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0060			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 56

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0583	0.0662	0.8805	1.1357
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0498	0.0139	3.5895	0.2786
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0323	0.0000	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0021	0.0020	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0331	0.0499	20.0570
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 57

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0077	0.0019	4.0832	0.2449
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0052	0.5756	1.7372
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0050	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0037	0.0051	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0021	0.0061	0.3387	2.9526
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0106	0.2047	4.8846
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0043			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0250			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0340			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0110			
65	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 58

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0051	0.7627	1.3111
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0025	2.7170	0.3681
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0007	0.0031	0.2400	4.1669
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0082	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0221	0.0000	undef
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0043	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0954	0.1067	9.3678
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0058			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0050			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 59

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0051	0.7627	1.3111
	Brust	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0120	0.0052	2.3025	0.4343
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0093	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0044	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0013	0.0379	0.0353	28.3379
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0042	0.0041	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0137	0.1983	5.0439
	Pankreas	0.0017	0.0221	0.0748	13.3713
	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0064	0.3412	2.9308
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0087			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0126			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 60

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0179	0.2179	4.5888
	Brust	0.0102	0.0056	1.8147	0.5510
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0093	0.0000	undef
	Gehirn	0.0037	0.0164	0.2250	4.4447
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0129	0.3676	2.7200
15	Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0117	0.9839	1.0163
	Lunge	0.0042	0.0082	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0180	0.0952	10.5060
20	Niere	0.0109	0.0205	0.5287	1.8915
	Pankreas	0.0017	0.0442	0.0374	26.7427
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0131	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0136	0.5611	1.7821
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0309			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0253			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0064			
	Gastrointestinal	0.0244			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0227			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0070			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 61

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0077	0.5085	1.9666
	Brust	0.0038	0.0019	2.0416	0.4898
	Duennndarm	0.0123	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0052	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0102	0.0150	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0077	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0096	0.0092	1.0399	0.9616
	Haematopoetisch	0.0107	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0053	0.0137	0.3855	2.5941
	Hoden	0.0173	0.0117	1.4759	0.6775
	Lunge	0.0021	0.0082	0.2540	3.9367
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0120	0.9994	1.0006
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0221	0.0748	13.3713
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0087	0.0064	1.3648	0.7327
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0203			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0058			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0060			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 62

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0331	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 63

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0051	3.0509	0.3278
	Brust	0.0128	0.0075	1.7013	0.5878
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0050	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0134	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0059	0.0031	1.9199	0.5209
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0286	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0052	0.0020	2.5402	0.3937
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0060	1.7133	0.5837
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0221	0.0000	undef
	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0131	0.0043	3.0709	0.3256
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0457	0.0068	6.7336	0.1485
	Uterus_allgemein	0.0255	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
	Samenblase	0.0534			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0139			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0017			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0155			
	Uterus_n	0.0083			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 64

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0013	0.0038	0.3403	2.9389
	Duennndarm	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0125	0.2717	3.6805
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0037	0.0051	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0085	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0042	0.0041	1.0161	0.9842
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0060	1.1422	0.8755
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0068	4.4891	0.2228
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0087			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0064			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0171			
	Haut-Muskel	0.0972			
	Hoden	0.0309			
	Lunge	0.0410			
	Nerven	0.0131			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0208			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 65

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0052			
	Zervix	0.0000			
35					
40					
45					
50					
55					
60					
65					

## NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN

## %Haeufigkeit

	Brust	0.0000
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
60	Foetal	0.0012
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
65	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 66

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0026	0.0038	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0050	0.3396	2.9444
10	Gastrointestinal	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0044	0.0043	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0017			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 67

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0093	0.2071	4.8289
	Gehirn	0.0030	0.0031	0.9599	1.0417
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0031	0.0020	1.5241	0.6561
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0035			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0040			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0232			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 68

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0038	0.0019	2.0416	0.4898
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0025	2.0377	0.4907
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0007	0.0021	0.3600	2.7779
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0060	0.8567	1.1673
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0043			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0242			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0017			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 69

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0015	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 70

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0041	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 71

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0038	0.0056	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0061	0.0165	0.3707	2.6973
	Eierstock	0.0030	0.0052	0.5756	1.7372
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0100	0.1698	5.8889
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0022	0.0103	0.2160	4.6299
	Haematopoetisch	0.0027	0.0758	0.0353	28.3379
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0125	0.0061	2.0321	0.4921
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0137	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0221	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0065	0.0021	3.0709	0.3256
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0528	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0095			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0810			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0274			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 72

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0026	3.0509	0.3278
	Brust	0.0051	0.0038	1.3611	0.7347
	Duennndarm	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0156	0.1919	5.2117
	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0125	0.5434	1.8403
10	Gastrointestinal	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0059	0.0113	0.5236	1.9098
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0117	0.9839	1.0163
	Lunge	0.0052	0.0061	0.8467	1.1810
	Magen-Speiseröhre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0060	1.1422	0.8755
20	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0131	0.0064	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefäesse	0.0071			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0152			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0122			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0130			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 73

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0102	0.0000	undef
	Brust	0.0013	0.0075	0.1701	5.8778
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0025	2.7170	0.3681
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0059	0.0031	1.9199	0.5209
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0074	0.0137	0.5397	1.8529
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0041	0.2540	3.9367
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0120	0.5711	1.7510
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0267	0.0000	undef
	Prostata	0.0022	0.0085	0.2559	3.9077
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0068	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0090			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 74

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0234	0.0051	4.5763	0.2185
	Brust	0.0115	0.0113	1.0208	0.9796
	Duennndarm	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0210	0.0078	2.6863	0.3723
	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0100	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0134	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0089	0.0123	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0062	0.0082	0.7621	1.3122
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0307	0.3151	3.1733
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0271	0.0205	1.3217	0.7566
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0509	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0087	0.0128	0.6824	1.4654
	Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0068	4.4891	0.2228
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0156			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0083			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0126			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0052			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0162			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0080			
65	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0708			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 75

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0013	0.0038	0.3403	2.9389
	Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0050	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0022	0.0031	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0040			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 76

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0026	1.5254	0.6555
	Brust	0.0051	0.0038	1.3611	0.7347
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0120	0.0026	4.6050	0.2172
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0015	0.0041	0.3600	2.7779
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0173	0.0117	1.4759	0.6775
	Lunge	0.0021	0.0020	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0043	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0068	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein	0.0051	0.1908	0.0267	37.4714
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0249			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0122			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0231			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0167			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 77

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0026	1.5254	0.6555
	Brust	0.0281	0.0226	1.2476	0.8015
	Duenn darm	0.0307	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0115	0.0278	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0037	0.0072	0.5143	1.9446
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0220	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0061	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0171	0.0180	0.9518	1.0506
20	Niere	0.0190	0.0068	2.7756	0.3603
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.1055	0.1280	7.8106
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0139			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0181			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0303			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0476			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0157			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0050			
65	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0208			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 78

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0025	2.0377	0.4907
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0093	0.0000	undef
	Gehirn	0.0015	0.0010	1.4399	0.6945
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseröhre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefäesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0035			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 79

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 80

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm	0.0429	0.0165	2.5952	0.3853
	Eierstock	0.0060	0.0078	0.7675	1.3029
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0556	0.0185	3.0027	0.3330
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0230	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0221	0.0748	13.3713
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0139			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0152			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 81

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0128	0.3051	3.2777
	Brust	0.0064	0.0075	0.8507	1.1756
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0234	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0093	0.6213	1.6096
	Gehirn	0.0214	0.0092	2.3199	0.4311
	Haematopoetisch	0.0107	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0085	0.0412	0.2056	4.8640
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0062	0.0082	0.7621	1.3122
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0383	0.7563	1.3222
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0017	0.0276	0.0598	16.7142
	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0064	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0136	0.5611	1.7821
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0095			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0250			
40	Haematopoetisch	0.0157			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0203			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0134			
	Gastrointestinal	0.0244			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0518			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0141			
65	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Uterus_n	0.0042			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 82

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 83

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0077	0.5085	1.9666
	Brust	0.0038	0.0038	1.0208	0.9796
	Duennndarm	0.0000	0.0165	0.0000	undef
	Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0075	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef
	Gehirn	0.0067	0.0051	1.2959	0.7716
	Haematopoetisch	0.0107	0.0379	0.2823	3.5422
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0000	0.0137	0.0000	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0073	0.0082	0.8891	1.1248
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0121			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0070			
	Gastrointestinal	0.0244			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0328			
	Nerven	0.0070			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 84

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0102	0.3814	2.6222
	Brust	0.0026	0.0056	0.4537	2.2042
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0025	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0089	0.0092	0.9599	1.0417
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0053	0.0137	0.3855	2.5941
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0062	0.0020	3.0482	0.3281
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0221	0.0000	undef
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0064	0.3412	2.9308
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0136	0.5611	1.7821
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0108			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0499			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0041			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0050			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 85

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0128	0.3051	3.2777
	Brust	0.0153	0.0132	1.1666	0.8572
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0120	0.0208	0.5756	1.7372
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0100	0.3396	2.9444
10	Gastrointestinal	0.0077	0.0093	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0067	0.0123	0.5400	1.8520
	Haematopoetisch	0.0134	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0194	0.0000	undef
15	Herz	0.0148	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0093	0.0102	0.9145	1.0935
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0180	0.4759	2.1012
20	Niere	0.0027	0.0411	0.0661	15.1317
	Pankreas	0.0000	0.0331	0.0000	undef
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0149	0.4387	2.2795
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0528	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0238			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0052			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0139			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0181			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0249			
50	Sinnesorgane	0.0251			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0140			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0050			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0167			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 86

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0102	0.3814	2.6222
	Brust	0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Duenndarm	0.0031	0.0165	0.1854	5.3946
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0025	5.4340	0.1840
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0046	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0022	0.0082	0.2700	3.7039
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0230	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0042	0.0061	0.6774	1.4763
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0230	0.4202	2.3799
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0205	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0106	0.2047	4.8846
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0136	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0030			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0155			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 87

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N
5	Blase	0.0195	0.0179	1.0896 0.9178
	Brust	0.0166	0.0019	8.8469 0.1130
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0104	0.2878 3.4745
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0100	0.3396 2.9444
10	Gastrointestinal	0.0115	0.0231	0.4970 2.0121
	Gehirn	0.0118	0.0092	1.2799 0.7813
	Haematopoetisch	0.0080	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000 undef
15	Herz	0.0021	0.0137	0.1542 6.4853
	Hoden	0.0115	0.0234	0.4920 2.0326
	Lunge	0.0042	0.0061	0.6774 1.4763
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000 undef
	Muskel-Skelett	0.0137	0.0180	0.7615 1.3133
20	Niere	0.0027	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997 10.0285
	Penis	0.0060	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0109	0.0128	0.8530 1.1723
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef 0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223 0.8911
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0160		
	Prostata-Hyperplasie	0.0000		
	Samenblase	0.0178		
30	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0087		
	Zervix	0.0106		
35		FOETUS		
		%Haeufigkeit		
	Entwicklung	0.0000		
	Gastrointestinal	0.0139		
	Gehirn	0.0313		
40	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut	0.0000		
	Hepatisch	0.0000		
	Herz-Blutgefuesse	0.0036		
45	Lunge	0.0072		
	Nebenniere	0.0000		
	Niere	0.0371		
	Placenta	0.0061		
	Prostata	0.0249		
50	Sinnesorgane	0.0251		
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
		%Haeufigkeit		
	Brust	0.0000		
55	Eierstock_n	0.0000		
	Eierstock_t	0.0101		
	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	Foetal	0.0029		
	Gastrointestinal	0.0244		
60	Haematopoetisch	0.0114		
	Haut-Muskel	0.0000		
	Hoden	0.0077		
	Lunge	0.0000		
	Nerven	0.0020		
65	Prostata	0.0137		
	Sinnesorgane	0.0000		
	Uterus_n	0.0083		

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 88

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0051	2.2882	0.4370
	Brust	0.0064	0.0113	0.5671	1.7633
	Duenndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0052	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0150	0.9057	1.1042
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0046	1.2425	0.8048
	Gehirn	0.0170	0.0113	1.5054	0.6643
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0095	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0117	0.9839	1.0163
	Lunge	0.0083	0.0143	0.5806	1.7223
	Magen-Speiseroehre	0.0290	0.0153	1.8908	0.5289
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856	3.5020
20	Niere	0.0027	0.0137	0.1983	5.0439
	Pankreas	0.0033	0.0331	0.0997	10.0285
	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0106	0.6142	1.6282
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0160			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0069			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0139			
	Gehirn	0.0125			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0213			
	Lunge	0.0181			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0175			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0227			
	Hoden	0.0309			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0120			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0387			
	Uterus_n	0.0042			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 90

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0123	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 91

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0429	0.0767	0.5593	1.7879
	Brust	0.0652	0.0320	2.0416	0.4898
	Duennndarm	0.0061	0.0331	0.1854	5.3946
	Eierstock	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0075	0.4528	2.2083
10	Gastrointestinal	0.0153	0.0370	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0126	0.1294	0.0971	10.2947
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0194	0.0000	undef
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0073	0.0123	0.5927	1.6872
	Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0153	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0360	0.3331	3.0017
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0033	0.0607	0.0544	18.3856
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0085	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

35		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0278	
	Gastrointestinal	0.0000	
	Gehirn	0.0063	
40	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut	0.0000	
	Hepatisch	0.0000	
	Herz-Blutgefuesse	0.0213	
	Lunge	0.0000	
45	Nebenniere	0.0000	
	Niere	0.0062	
	Placenta	0.0000	
	Prostata	0.0000	
50	Sinnesorgane	0.0000	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
	Brust	0.0272	
55	Eierstock_n	0.0000	
	Eierstock_t	0.0000	
	Endokrines_Gewebe	0.1224	
	Foetal	0.0093	
	Gastrointestinal	0.0000	
60	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut-Muskel	0.0000	
	Hoden	0.0000	
	Lunge	0.0000	
	Nerven	0.0131	
65	Prostata	0.0137	
	Sinnesorgane	0.0155	
	Uterus_n	0.0000	

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 92

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0102	0.0132	0.7777	1.2858
	Duennndarm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0052	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0170	0.0100	1.6981	0.5889
10	Gastrointestinal	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0059	0.0041	1.4399	0.6945
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0476	0.1359	0.3501	2.8560
15	Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0234	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0062	0.0041	1.5241	0.6561
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0153	0.6303	1.5866
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0060	0.8567	1.1673
20	Niere	0.0136	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0479	0.0490	0.9791	1.0213
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0208			
	Samenblase	0.0178			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0249			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0204			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0203			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0146			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0309			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0060			
65	Prostata	0.0274			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 93

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0015	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0137	0.0771	12.9706
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0043	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0520			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0544			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0192			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 94

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0077	1.0170	0.9833
	Brust	0.0090	0.0150	0.5955	1.6794
	Duennndarm	0.0123	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0078	0.3838	2.6058
	Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0025	5.4340	0.1840
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0139	0.6903	1.4487
	Gehirn	0.0163	0.0082	1.9799	0.5051
	Haematopoetisch	0.0094	0.0379	0.2470	4.0483
	Haut	0.0220	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0194	0.0000	undef
15	Herz	0.0159	0.0137	1.1565	0.8647
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0135	0.0102	1.3209	0.7571
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0060	0.8567	1.1673
20	Niere	0.0163	0.0068	2.3791	0.4203
	Pankreas	0.0033	0.0442	0.0748	13.3713
	Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0087	0.0021	4.0945	0.2442
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0136	0.5611	1.7821
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0356			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0095			
	Zervix	0.0213			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0188			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0145			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0244			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0162			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0410			
	Nerven	0.0161			
65	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Uterus_n	0.0042			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 95

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0251			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0228			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 96

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0117		0.0051		2.2882	0.4370
	Brust	0.0115		0.0038		3.0624	0.3265
	Duenn darm	0.0061		0.0000		undef	0.0000
	Eierstock	0.0120		0.0000		undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0017		0.0025		0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0077		0.0046		1.6567	0.6036
	Gehirn	0.0074		0.0133		0.5538	1.8057
	Haematopoetisch	0.0067		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0257		0.2542		0.1011	9.8931
	Hepatisch	0.0000		0.0000		undef	undef
15	Herz	0.0032		0.0000		undef	0.0000
	Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef
	Lunge	0.0073		0.0082		0.8891	1.1248
	Magen-Speiserohre	0.0097		0.0000		undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0000		0.0120		0.0000	undef
20	Niere	0.0027		0.0000		undef	0.0000
	Pankreas	0.0017		0.0166		0.0997	10.0285
	Penis	0.0120		0.0000		undef	0.0000
	Prostata	0.0044		0.0021		2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0068		0.0000		undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000		0.0136		0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0306		0.0000		undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0128					
	Prostata-Hyperplasie	0.0030					
	Samenblase	0.0000					
30	Sinnesorgane	0.0118					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0121					
	Zervix	0.0213					
35	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0083					
	Gehirn	0.0000					
40	Haematopoetisch	0.0079					
	Haut	0.7538					
	Hepatisch	0.0000					
	Herz-Blutgefuesse	0.0036					
	Lunge	0.0036					
45	Nebenniere	0.0507					
	Niere	0.0000					
	Placenta	0.0121					
	Prostata	0.0000					
50	Sinnesorgane	0.0000					
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN							
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0000					
55	Eierstock_n	0.0000					
	Eierstock_t	0.0101					
	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0023					
	Gastrointestinal	0.0000					
60	Haematopoetisch	0.0171					
	Haut-Muskel	0.0032					
	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0164					
	Nerven	0.0040					
65	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Uterus_n	0.0000					

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 98

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0051	0.0038	1.3611	0.7347
	Duennndarm	0.1410	0.0165	8.5270	0.1173
	Eierstock	0.0060	0.0052	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.1820	0.0093	19.6731	0.0508
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0145	0.0041	3.5562	0.2812
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0205	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0718	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0044	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0340			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0366			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 99

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0128	0.9153	1.0926
	Brust	0.0026	0.0132	0.1944	5.1431
	Duennndarm	0.0215	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0120	0.0130	0.9210	1.0858
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0226	0.3774	2.6500
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0093	1.0354	0.9658
	Gehirn	0.0133	0.0113	1.1781	0.8488
	Haematopoetisch	0.0094	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0194	0.0000	undef
15	Herz	0.0233	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0230	0.0117	1.9679	0.5082
	Lunge	0.0156	0.0184	0.8467	1.1810
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0077	3.7816	0.2644
	Muskel-Skelett	0.0188	0.0240	0.7853	1.2735
20	Niere	0.0217	0.0274	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0033	0.0442	0.0748	13.3713
	Penis	0.0060	0.0267	0.2246	4.4517
	Prostata	0.0109	0.0213	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0255	0.0954	0.2669	3.7471
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0043			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0157			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0178			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0507			
	Niere	0.0185			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0136			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0076			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0040			
65	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 100

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0026	2.3025	0.4343
	Endokrines Gewebe	0.0034	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef
	Gehirn	0.0015	0.0041	0.3600	2.7779
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0021	0.0137	0.1542	6.4853
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0031	0.0041	0.7621	1.3122
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0030	0.0267	0.1123	8.9035
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0108			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 101

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0050	0.3396	2.9444
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef
	Gehirn	0.0022	0.0021	1.0799	0.9260
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0031	0.0041	0.7621	1.3122
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0068	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0056			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0126			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 102

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0051	0.7627	1.3111
	Brust	0.0013	0.0094	0.1361	7.3472
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0100	0.1698	5.8889
10	Gastrointestinal	0.0134	0.0093	1.4496	0.6898
	Gehirn	0.0044	0.0062	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0053	0.0412	0.1285	7.7824
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0052	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0060	1.1422	0.8755
20	Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0017	0.0221	0.0748	13.3713
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0087	0.0085	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0204	0.7482	1.3366
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0030			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 103

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 104

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0102	1.9068	0.5244
	Brust	0.0038	0.0056	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0052	0.5756	1.7372
	Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0075	1.5849	0.6309
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0185	0.0000	undef
	Gehirn	0.0185	0.0072	2.5713	0.3889
	Haematopoetisch	0.0040	0.0379	0.1059	9.4460
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0129	0.3676	2.7200
15	Herz	0.0127	0.0137	0.9252	1.0809
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0031	0.0102	0.3048	3.2806
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0180	0.0000	undef
20	Niere	0.0027	0.0274	0.0991	10.0878
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0043	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0528	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0104			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0111			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0108			
45	Nebenniere	0.0507			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0035			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0194			
	Hoden	0.0231			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0161			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0464			
	Uterus_n	0.0042			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 105

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0026	0.0056	0.4537	2.2042
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0104	0.2878	3.4745
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0050	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef
	Gehirn	0.0081	0.0031	2.6399	0.3788
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0073	0.0847	0.0866	11.5419
	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600
15	Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0031	0.0123	0.2540	3.9367
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0081	0.0205	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0106	0.4095	2.4423
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0456			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0093			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0194			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0070			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Uterus_n	0.0167			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 106

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0021	0.0020	1.0161	0.9842
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0021	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0399			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 107

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000		0.0026		0.0000	undef
	Brust	0.0013		0.0019		0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0000		0.0000		undef	undef
	Eierstock	0.0000		0.0000		undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000		0.0050		0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000		0.0000		undef	undef
	Gehirn	0.0000		0.0031		0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000		0.0000		undef	undef
	Haut	0.0000		0.0000		undef	undef
	Hepatisch	0.0000		0.0065		0.0000	undef
15	Herz	0.0021		0.0000		undef	0.0000
	Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef
	Lunge	0.0000		0.0000		undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000		0.0000		undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000		0.0000		undef	undef
20	Niere	0.0000		0.0000		undef	undef
	Pankreas	0.0017		0.0331		0.0499	20.0570
	Penis	0.0000		0.0000		undef	undef
	Prostata	0.0065		0.0213		0.3071	3.2564
	Uterus_Endometrium	0.0068		0.0000		undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000		0.0000		undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000					
	Prostata-Hyperplasie	0.0089					
	Samenblase	0.0000					
30	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000					
	Zervix	0.0106					
35	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Gehirn	0.0000					
40	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
	Herz-Blutgefuesse	0.0036					
	Lunge	0.0000					
45	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0000					
	Placenta	0.0061					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0000					
55	Eierstock_n	0.0000					
	Eierstock_t	0.0000					
	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0000					
60	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0000					
	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0000					
	Nerven	0.0000					
65	Prostata	0.0137					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Uterus_n	0.0083					

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 108

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0123	0.0165	0.7415	1.3487
	Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0187	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0093	0.6213	1.6096
	Gehirn	0.0022	0.0103	0.2160	4.6299
	Haematopoetisch	0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0102	0.0000	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0163	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0106	0.2047	4.8846
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0087			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0050			
65	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 109

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0026	3.0509	0.3278
	Brust	0.0090	0.0075	1.1909	0.8397
	Duennndarm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0050	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0044	0.0113	0.3927	2.5464
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0095	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0083	0.0020	4.0643	0.2460
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0109	0.0205	0.5287	1.8915
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0085	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0068	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0408			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 110

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0128	0.3051	3.2777
	Brust	0.0051	0.0132	0.3889	2.5715
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0104	0.5756	1.7372
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0089	0.0133	0.6646	1.5047
	Haematopoetisch	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600
15	Herz	0.0138	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0230	0.0117	1.9679	0.5082
	Lunge	0.0145	0.0041	3.5562	0.2812
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0230	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0060	1.7133	0.5837
20	Niere	0.0081	0.0068	1.1896	0.8406
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0240	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0064	0.6824	1.4654
	Uterus_Endometrium	0.0270	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0068	4.4891	0.2228
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0319			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0313			
40	Haematopoetisch	0.0157			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0145			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0309			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0748			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0080			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 111

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0093	0.0000	undef
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0221	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 112

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 113

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0026	0.0038	0.6805	1.4694
	Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0075	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0093	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0052	0.0051	1.0079	0.9921
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0031	0.0020	1.5241	0.6561
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0077	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0276	0.0598	16.7142
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0064	0.3412	2.9308
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0213			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0083			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0274			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 114

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0078		0.0026		3.0509	0.3278
	Brust	0.0013		0.0056		0.2268	4.4083
	Duenndarm	0.0031		0.0165		0.1854	5.3946
	Eierstock	0.0090		0.0078		1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0085		0.0201		0.4245	2.3555
10	Gastrointestinal	0.0019		0.0046		0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0244		0.0092		2.6399	0.3788
	Haematopoetisch	0.0013		0.0379		0.0353	28.3379
	Haut	0.0073		0.0000		undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000		0.0000		undef	undef
15	Herz	0.0042		0.0137		0.3084	3.2426
	Hoden	0.0403		0.0000		undef	0.0000
	Lunge	0.0083		0.0000		undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000		0.0000		undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0069		0.0000		undef	0.0000
20	Niere	0.0054		0.0068		0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0000		0.0166		0.0000	undef
	Penis	0.0120		0.0000		undef	0.0000
	Prostata	0.0087		0.0085		1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0000		0.0000		undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000		0.0068		0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064					
	Prostata-Hyperplasie	0.0059					
	Samenblase	0.0000					
30	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0052					
	Zervix	0.0000					
35	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0139					
	Gehirn	0.0125					
40	Haematopoetisch	0.0039					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
	Herz-Blutgefuesse	0.0036					
	Lunge	0.0108					
45	Nebenniere	0.0254					
	Niere	0.0000					
	Placenta	0.0000					
	Prostata	0.0000					
50	Sinnesorgane	0.0753					
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN							
%Haeufigkeit							
55	Brust	0.0000					
	Eierstock_n	0.0000					
	Eierstock_t	0.0000					
	Endokrines_Gewebe	0.0245					
	Foetal	0.0122					
	Gastrointestinal	0.0488					
60	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0194					
	Hoden	0.0386					
	Lunge	0.0000					
	Nerven	0.0221					
65	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Uterus_n	0.0042					

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 115

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0077	0.0038	2.0416	0.4898
	Duennndarm	0.0123	0.0165	0.7415	1.3487
	Eierstock	0.0120	0.0208	0.5756	1.7372
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0134	0.0139	0.9664	1.0348
	Gehirn	0.0059	0.0113	0.5236	1.9098
	Haematopoetisch	0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600
15	Herz	0.0117	0.0275	0.4240	2.3583
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0104	0.0143	0.7258	1.3779
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0230	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0120	0.1428	7.0040
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0174	0.0043	4.0945	0.2442
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0136	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0178			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0251			
50					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0050			
65	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 116

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0051	1.5254	0.6555
	Brust	0.0064	0.0038	1.7013	0.5878
	Duenn darm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0075	0.9057	1.1042
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0030	0.0062	0.4800	2.0835
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0099			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0070			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 117

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0128	0.6102	1.6389
	Brust	0.0038	0.0169	0.2268	4.4083
	Duennndarm	0.0031	0.0165	0.1854	5.3946
	Eierstock	0.0060	0.0078	0.7675	1.3029
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0075	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0046	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0022	0.0051	0.4320	2.3149
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0042	0.0020	2.0321	0.4921
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0120	0.5711	1.7510
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0221	0.0748	13.3713
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0065	0.0043	1.5354	0.6513
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0136	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0249			
50	Sinnesorgane	0.0251			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
55	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0152			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0058			
	Gastrointestinal	0.0244			
60	Haematopoetisch	0.0171			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0328			
	Nerven	0.0080			
65	Prostata	0.0274			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 118

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0051	2.2882	0.4370
	Brust	0.0051	0.0094	0.5444	1.8368
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0050	1.3585	0.7361
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0052	0.0031	1.6799	0.5953
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0065	1.4706	0.6800
15	Herz	0.0138	0.0137	1.0023	0.9977
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0042	0.0123	0.3387	2.9526
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856	3.5020
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0021	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0102	0.1908	0.0534	18.7357
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0083			
	Gehirn	0.0125			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0203			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0087			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0080			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 119

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0013	0.0019	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0100	0.1698	5.8889
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0059	0.0021	2.8798	0.3472
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0031	0.0041	0.7621	1.3122
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0205	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0221	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0021	3.0709	0.3256
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0041			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0040			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0208			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 120

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0051	1.5254	0.6555
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0092	0.0165	0.5561	1.7982
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0025	1.3585	0.7361
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0093	0.0000	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0095	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0060	0.0533	0.1123	8.9035
	Prostata	0.0065	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0126			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0163			
	Gastrointestinal	0.0244			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0194			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0080			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0250			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 123

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0026	4.5763	0.2185
	Brust	0.0205	0.0075	2.7221	0.3674
	Duennndarm	0.0031	0.0165	0.1854	5.3946
	Eierstock	0.0210	0.0026	8.0588	0.1241
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0125	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0046	2.0708	0.4829
	Gehirn	0.0037	0.0021	1.7999	0.5556
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0106	0.0137	0.7710	1.2971
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0073	0.0082	0.8891	1.1248
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0077	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0360	0.3331	3.0017
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0276	0.0598	16.7142
	Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0064	0.6824	1.4654
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

35		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000	
	Gastrointestinal	0.0000	
	Gehirn	0.0000	
40	Haematopoetisch	0.0118	
	Haut	0.0000	
	Hepatisch	0.0000	
	Herz-Blutgefuesse	0.0000	
	Lunge	0.0108	
45	Nebenniere	0.0000	
	Niere	0.0000	
	Placenta	0.0061	
	Prostata	0.0499	
50	Sinnesorgane	0.0000	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
	Brust	0.0952	
55	Eierstock_n	0.0000	
	Eierstock_t	0.0051	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0064	
	Gastrointestinal	0.0122	
60	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut-Muskel	0.0194	
	Hoden	0.0154	
	Lunge	0.0246	
	Nerven	0.0010	
65	Prostata	0.0068	
	Sinnesorgane	0.0000	
	Uterus_n	0.0125	

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 124

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0102	0.0000	undef
	Brust	0.0038	0.0019	2.0416	0.4898
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0120	0.0052	2.3025	0.4343
	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0100	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0139	0.6903	1.4487
	Gehirn	0.0052	0.0031	1.6799	0.5953
	Haematopoetisch	0.0040	0.0379	0.1059	9.4460
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0032	0.0137	0.2313	4.3235
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0062	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0153	0.0085	1.7913	0.5582
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0255	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0113			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0083			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0309			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0203			
	Endokrines_Gewebe	0.0490			
	Foetal	0.0017			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0040			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 125

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0013	0.0038	0.3403	2.9389
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef
	Gehirn	0.0030	0.0010	2.8798	0.3472
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0000	0.0041	0.0000	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0027	0.0205	0.1322	7.5658
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0106	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0152			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0017			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 126

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0051	0.0038	1.3611	0.7347
	Duennndarm	0.0031	0.0496	0.0618	16.1839
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0059	0.0113	0.5236	1.9098
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0073	0.0041	1.7781	0.5624
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0120	0.0000	undef
20	Niere	0.0109	0.0068	1.5861	0.6305
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0021	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0528	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0043			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0126			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0203			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0130			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0100			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 127

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0304			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0052			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0194			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0050			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0167			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 128

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0022	0.0031	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0042	0.0020	2.0321	0.4921
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0276	0.0598	16.7142
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 129

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duenndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 130

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0000	0.0038	0.0000	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0052	0.5756	1.7372
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0025	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0030	0.0021	1.4399	0.6945
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0137	0.1542	6.4853
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0010	0.0041	0.2540	3.9367
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 131

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 132

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0081	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestenstinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0249			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 133

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 134

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestenstinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefasse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 135

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 136

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0026	1.5254	0.6555
	Brust	0.0115	0.0094	1.2250	0.8164
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0090	0.0052	1.7269	0.5791
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0025	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0037	0.0113	0.3273	3.0557
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0220	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0148	0.0275	0.5397	1.8529
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0135	0.0041	3.3022	0.3028
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0240	0.2142	4.6693
20	Niere	0.0109	0.0068	1.5861	0.6305
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0269	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0128	0.1706	5.8615
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0152			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0041			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 137

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0025	1.3585	0.7361
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0093	0.0000	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 138

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0026	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef
	Gehirn	0.0007	0.0021	0.3600	2.7779
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0267	0.0000	undef
	Prostata	0.0022	0.0043	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefasse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 139

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0125			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 140

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 142

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0030	0.0010	2.8798	0.3472
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0221	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 143

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 144

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 145

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0153	0.5085	1.9666
	Brust	0.0090	0.0038	2.3818	0.4198
	Duennndarm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0026	2.3025	0.4343
	Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0301	0.4528	2.2083
10	Gastrointestinal	0.0115	0.0139	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0214	0.0288	0.7457	1.3411
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0065	1.4706	0.6800
15	Herz	0.0201	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0234	0.0000	undef
	Lunge	0.0156	0.0123	1.2701	0.7873
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0060	1.1422	0.8755
20	Niere	0.0081	0.0137	0.5948	1.6813
	Pankreas	0.0017	0.0331	0.0499	20.0570
	Penis	0.0120	0.0267	0.4493	2.2259
	Prostata	0.0196	0.0106	1.8425	0.5427
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0340	0.2245	4.4553
	Uterus_allgemein	0.0255	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
	Samenblase	0.0267			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0438			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0507			
	Niere	0.0185			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0499			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0017			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0162			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0060			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 146

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0051	0.7627	1.3111
	Brust	0.0090	0.0075	1.1909	0.8397
	Duennndarm	0.0031	0.0331	0.0927	10.7893
	Eierstock	0.0060	0.0182	0.3289	3.0402
	Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0176	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0115	0.0046	2.4850	0.4024
	Gehirn	0.0074	0.0041	1.7999	0.5556
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
15	Herz	0.0074	0.0137	0.5397	1.8529
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0062	0.0020	3.0482	0.3281
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5711	1.7510
20	Niere	0.0109	0.0137	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0060	0.0267	0.2246	4.4517
	Prostata	0.0087	0.0128	0.6824	1.4654
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0078			
	Zervix	0.0213			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0185			
	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0126			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0203			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0204			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0194			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0100			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0155			
	Uterus_n	0.0083			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 147

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0102	1.5254	0.6555
	Brust	0.0153	0.0188	0.8166	1.2245
	Duenn darm	0.0031	0.0331	0.0927	10.7893
	Eierstock	0.0090	0.0026	3.4538	0.2895
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0093	1.0354	0.9658
	Gehirn	0.0096	0.0164	0.5850	1.7095
	Haematopoetisch	0.0187	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0065	1.4706	0.6800
15	Herz	0.0117	0.0137	0.8481	1.1791
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0125	0.0102	1.2193	0.8202
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0460	0.2101	4.7599
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0081	0.0137	0.5948	1.6813
	Pankreas	0.0017	0.0331	0.0499	20.0570
	Penis	0.0030	0.0267	0.1123	8.9035
	Prostata	0.0065	0.0064	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0136	1.6834	0.5940
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0954	0.0534	18.7357
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0234			
	Zervix	0.0213			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0250			
	Gehirn	0.0313			
40	Haematopoetisch	0.0157			
	Haut	0.2513			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0507			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0272			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0203			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0099			
	Gastrointestinal	0.0244			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0130			
	Hoden	0.0231			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0090			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 148

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Brust	0.0038	0.0038	1.0208	0.9796
	Duennndarm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0050	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0015	0.0082	0.1800	5.5559
	Haematopoetisch	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0194	0.0000	undef
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0104	0.0102	1.0161	0.9842
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0054	0.0411	0.1322	7.5658
	Pankreas	0.0000	0.0221	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0021	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 149

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0507	0.0256	1.9831	0.5043
	Brust	0.0281	0.0263	1.0694	0.9351
	Duennndarm	0.0368	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0300	0.0104	2.8781	0.3474
	Endokrines_Gewebe	0.0153	0.0100	1.5283	0.6543
10	Gastrointestinal	0.0115	0.0278	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0192	0.0359	0.5348	1.8698
	Haematopoetisch	0.0321	0.0379	0.8469	1.1807
	Haut	0.0220	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0194	0.2451	4.0800
15	Herz	0.0350	0.0962	0.3635	2.7513
	Hoden	0.0230	0.0234	0.9839	1.0163
	Lunge	0.0291	0.0245	1.1854	0.8436
	Magen-Speiseroehre	0.0387	0.0690	0.5602	1.7850
	Muskel-Skelett	0.0343	0.0600	0.5711	1.7510
20	Niere	0.0190	0.0068	2.7756	0.3603
	Pankreas	0.0050	0.0994	0.0499	20.0570
	Penis	0.0269	0.0800	0.3369	2.9678
	Prostata	0.0174	0.0149	1.1699	0.8548
	Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0457	0.0068	6.7336	0.1485
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0160			
	Prostata-Hyperplasie	0.0208			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0468			
	Zervix	0.0319			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0333			
	Gehirn	0.0375			
40	Haematopoetisch	0.0236			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0397			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0247			
	Placenta	0.0727			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0476			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0203			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0076			
	Gastrointestinal	0.0244			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0259			
	Hoden	0.0309			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0120			
65	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0375			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 151

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0546	0.0281	1.9415	0.5151
	Brust	0.0550	0.0263	2.0902	0.4784
	Duennndarm	0.0368	0.0331	1.1122	0.8991
	Eierstock	0.0329	0.0338	0.9741	1.0265
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0050	1.6981	0.5889
10	Gastrointestinal	0.0536	0.0139	3.8656	0.2587
	Gehirn	0.0222	0.0308	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0808	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0129	0.3676	2.7200
15	Herz	0.0286	0.0275	1.0408	0.9608
	Hoden	0.0288	0.0351	0.8200	1.2196
	Lunge	0.0395	0.0164	2.4132	0.4144
	Magen-Speiseroehre	0.0870	0.0077	11.3448	0.0881
	Muskel-Skelett	0.0531	0.0420	1.2646	0.7908
20	Niere	0.0244	0.0548	0.4461	2.2417
	Pankreas	0.0033	0.0221	0.1496	6.6857
	Penis	0.0569	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0283	0.0255	1.1089	0.9018
	Uterus_Endometrium	0.0338	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0272	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0764	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0799			
	Prostata-Hyperplasie	0.0327			
	Samenblase	0.0445			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0139			
	Zervix	0.0958			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0194			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0108			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0242			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0136			
55	Eierstock_n	0.3190			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0111			
	Gastrointestinal	0.0244			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0328			
	Nerven	0.0030			
65	Prostata	0.0479			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0208			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 153

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0690	0.2825	3.5400
	Brust	0.0179	0.0320	0.5604	1.7843
	Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0150	0.0130	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0100	0.8491	1.1778
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0093	0.2071	4.8289
	Gehirn	0.0081	0.0442	0.1842	5.4296
	Haematopoetisch	0.0187	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0238	0.0194	1.2255	0.8160
15	Herz	0.0625	0.1649	0.3791	2.6381
	Hoden	0.0403	0.0117	3.4438	0.2904
	Lunge	0.0343	0.0286	1.1975	0.8351
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0307	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0668	0.1200	0.5568	1.7959
20	Niere	0.0190	0.0342	0.5551	1.8014
	Pankreas	0.0050	0.1160	0.0427	23.3998
	Penis	0.0329	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0131	0.0170	0.7677	1.3026
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0528	0.1280	7.8106
25	Uterus_Myometrium	0.0457	0.0204	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein	0.0357	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0208			
	Samenblase	0.0356			
30	Sinnesorgane	0.0588			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0319			
35					
40					
45					
50					
55					
60					
65					

## NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN

## %Haeufigkeit

55	Brust	0.0340
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0203
	Endokrines_Gewebe	0.0490
	Foetal	0.0309
60	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0154
	Lunge	0.0082
65	Nerven	0.0030
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 154

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0230	0.6780	1.4750
	Brust	0.0256	0.0263	0.9722	1.0286
	Duennndarm	0.0184	0.0331	0.5561	1.7982
	Eierstock	0.0150	0.0208	0.7195	1.3898
	Endokrines_Gewebe	0.0238	0.0176	1.3585	0.7361
10	Gastrointestinal	0.0268	0.0185	1.4496	0.6898
	Gehirn	0.0126	0.0205	0.6120	1.6341
	Haematopoetisch	0.0174	0.0379	0.4587	2.1798
	Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0194	0.2451	4.0800
15	Herz	0.0085	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0288	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0156	0.0123	1.2701	0.7873
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0307	0.3151	3.1733
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0180	0.2856	3.5020
20	Niere	0.0163	0.0137	1.1896	0.8406
	Pankreas	0.0000	0.0497	0.0000	undef
	Penis	0.0180	0.0267	0.6739	1.4839
	Prostata	0.0196	0.0277	0.7087	1.4111
	Uterus_Endometrium	0.0270	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0136	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein	0.0509	0.0954	0.5337	1.8736
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0238			
	Samenblase	0.0267			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0043			
	Zervix	0.0319			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0364			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0272			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.1772			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0058			
	Gastrointestinal	0.0244			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0274			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 155

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0038	0.0019	2.0416	0.4898
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0075	0.2264	4.4166
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0015	0.0051	0.2880	3.4724
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0077	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0043			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0204			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0152			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0052			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0040			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0155			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 156

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0102	1.9068	0.5244
	Brust	0.0038	0.0113	0.3403	2.9389
	Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0208	0.2878	3.4745
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0025	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0139	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0096	0.0051	1.8719	0.5342
	Haematopoetisch	0.0053	0.0758	0.0706	14.1689
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0127	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0234	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0104	0.0123	0.8467	1.1810
	Magen-Speiseroehre	0.0580	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0180	0.3807	2.6265
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0221	0.0748	13.3713
	Penis	0.0060	0.0267	0.2246	4.4517
	Prostata	0.0087	0.0085	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0156			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0178			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0253			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0041			
	Gastrointestinal	0.0488			
60	Haematopoetisch	0.0171			
	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0328			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0291			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 157

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Brust	0.0077	0.0132	0.5833	1.7144
	Duenn darm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0090	0.0156	0.5756	1.7372
	Endokrines Gewebe	0.0034	0.0075	0.4528	2.2083
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0046	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0103	0.0164	0.6300	1.5874
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0148	0.0137	1.0794	0.9265
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0021	0.0041	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0060	1.9989	0.5003
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0033	0.0497	0.0665	15.0427
	Penis	0.0060	0.0800	0.0749	13.3552
	Prostata	0.0065	0.0043	1.5354	0.6513
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0136	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0052			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0188			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0108			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0249			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0203			
	Endokrines Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0030			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 597

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0009	0.0042	0.2087	4.7908
	Dickdarm	0.0000	0.0057	0.0000	undef
	Duennndarm	0.0027	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0019	0.0018	1.0524	0.9502
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0221	0.0000	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	T_Lymphom	0.0000	0.0075	0.0000	undef
	Uterus	0.0015	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0013			
	Penis	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
35	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
40	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
50	Brust	0.0136			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0152			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0010			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0068			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

## Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 598

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0075	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0000	0.0023	0.0000	undef
	Brust	0.0097	0.0155	0.6262	1.5969
	Dickdarm	0.0134	0.0114	1.1774	0.8493
	Duenn darm	0.0082	0.0107	0.7730	1.2937
10	Eierstock	0.0000	0.0048	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0048	0.0053	0.9054	1.1045
	Gehirn	0.0046	0.0040	1.1605	0.8617
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0041	0.0275	0.1477	6.7715
	Hoden	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0068	0.0037	1.8417	0.5430
	Magen-Speiserohre	0.0145	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0037	1.3917	0.7186
20	Niere	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Prostata	0.0273	0.0300	0.9123	1.0962
	T_Lymphom	0.0076	0.0224	0.3381	2.9576
	Uterus	0.0059	0.0092	0.6426	1.5563
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0067			
	Penis	0.0054			
	Samenblase	0.0070			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
35	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
40	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0303			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0251			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0354			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0122			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0130			
60	Hoden_n	0.0042			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0098			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0030			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0180			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

## Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 599

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0078	0.0164	0.4741	2.1091
	Brust	0.0009	0.0000	undef	0.0000
	Dickdarm	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm	0.0055	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0237	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0064	0.0035	1.8107	0.5523
	Gehirn	0.0029	0.0050	0.5803	1.7234
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0030	0.0137	0.2215	4.5144
	Hoden	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0126	0.0018	6.8408	0.1462
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0256	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0048	0.0000	undef
	Pankreas	0.0033	0.0331	0.0997	10.0282
	Prostata	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	T_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0074	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0027			
	Penis	0.0161			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0083			
35	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
40	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
50	Brust	0.0204			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
55	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
60	Hoden_n	0.0209			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0225			
	Prostata_n	0.0061			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

## Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 600

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0100	0.0136	0.7358	1.3590
	Blase	0.0039	0.0117	0.3319	3.0130
	Brust	0.0044	0.0014	3.1311	0.3194
	Dickdarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0137	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0059	0.0024	2.4887	0.4018
	Endokrines_Gewebe	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0052	0.0140	0.3730	2.6808
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0046	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0061	0.0137	0.4430	2.2572
	Hoden	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0049	0.0111	0.4385	2.2804
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0064	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0037	2.7833	0.3593
20	Niere	0.0067	0.0048	1.3927	0.7180
	Pankreas	0.0017	0.0387	0.0427	23.3992
	Prostata	0.0019	0.0013	1.4470	0.6911
	T_Lymphom	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0059	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0067			
	Penis	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0083			
35	Gehirn	0.0188			
	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
40	Lunge	0.0108			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0068			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0093			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
60	Hoden_n	0.0084			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0070			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0023			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

## Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 601

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Blase	0.0000	0.0023	0.0000	undef
	Brust	0.0009	0.0000	undef	0.0000
	Dickdarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0027	0.0107	0.2577	3.8812
10	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0020	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0037	0.0000	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Prostata	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	T_Lymphom	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0015	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0013			
	Penis	0.0027			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
35	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
40	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0249			
45	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0023			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

## Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 602

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0136	0.0000	undef
	Blase	0.0234	0.0047	4.9788	0.2009
	Brust	0.0070	0.0098	0.7157	1.3973
	Dickdarm	0.0057	0.0085	0.6728	1.4864
	Duenndarm	0.0110	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0059	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0032	0.0038	0.8479	1.1794
	Gehirn	0.0018	0.0020	0.9068	1.1028
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0046	0.0190	0.2441	4.0960
15	Herz	0.0081	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0068	0.0018	3.6834	0.2715
	Magen-Speiserohre	0.0072	0.0064	1.1333	0.8824
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0067	0.0096	0.6963	1.4362
	Pankreas	0.0033	0.0221	0.1496	6.6857
	Prostata	0.0094	0.0052	1.8088	0.5529
	T_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0093	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000			
	Penis	0.0134			
	Samenblase	0.0070			
	Sinnesorgane	0.0118			
30					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0139			
35	Gastrointestinal	0.0111			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0145			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
50	Brust	0.0408			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0101			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0046			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0130			
60	Hoden_n	0.0125			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0098			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0068			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

## Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 603

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0141	0.0028	5.0097	0.1996
	Dickdarm	0.2491	0.0199	12.4946	0.0800
	Duennndarm	0.1949	0.5326	0.3659	2.7333
10	Eierstock	0.0059	0.0072	0.8296	1.2055
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0035	0.0000	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0381	0.0000	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0204	0.0055	3.6835	0.2715
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0064	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0022	0.0096	0.2321	4.3081
	Pankreas	0.0017	0.1105	0.0150	66.8548
	Prostata	0.0047	0.0000	undef	0.0000
	T_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0059	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000			
	Penis	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0235			
30					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
35	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
40	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
50	Brust	0.0340			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0610			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0098			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0000			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

## Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 604

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0136	0.1840	5.4361
	Blase	0.0078	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0079	0.0028	2.8179	0.3549
	Dickdarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Eierstock	0.0030	0.0048	0.6222	1.6073
	Endokrines_Gewebe	0.0032	0.0053	0.6036	1.6568
	Gehirn	0.0058	0.0050	1.1605	0.8617
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0063	0.0000	undef
15	Herz	0.0020	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0029	0.0055	0.5262	1.9004
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0064	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0282
	Prostata	0.0057	0.0078	0.7235	1.3821
	T_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0059	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0041	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0013			
	Penis	0.0054			
	Samenblase	0.0070			
	Sinnesorgane	0.0000			
30		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
35	Gehirn	0.0250			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
40	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0340			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0152			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0257			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0098			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0121			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0068			
	Prostata_n	0.0121			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

## Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 605

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0400	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0078	0.0329	0.2371	4.2182
	Brust	0.0141	0.0197	0.7157	1.3973
	Dickdarm	0.0345	0.0171	2.0184	0.4955
	Duenndarm	0.0384	0.0320	1.2024	0.8317
10	Eierstock	0.0089	0.0215	0.4148	2.4109
	Endokrines_Gewebe	0.0273	0.0319	0.8551	1.1695
	Gehirn	0.0312	0.0299	1.0445	0.9574
	Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0139	0.0317	0.4395	2.2755
15	Herz	0.0203	0.0275	0.7384	1.3543
	Hoden	0.0361	0.0710	0.5089	1.9650
	Lunge	0.0126	0.0351	0.3600	2.7775
	Magen-Speiserohre	0.0217	0.0384	0.5668	1.7644
	Muskel-Skelett	0.0428	0.0185	2.3194	0.4311
20	Niere	0.0179	0.0193	0.9285	1.0770
	Pankreas	0.0066	0.0387	0.1709	5.8498
	Prostata	0.0160	0.0182	0.8786	1.1382
	T_Lymphom	0.0278	0.0149	1.8596	0.5377
	Uterus	0.0177	0.0046	3.8554	0.2594
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0192	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0267			
	Penis	0.0161			
	Samenblase	0.0141			
	Sinnesorgane	0.0235			
30		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0278			
35	Gastrointestinal	0.0194			
	Gehirn	0.0250			
	Haematopoetisch	0.0354			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0640			
	Lunge	0.0289			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0185			
	Placenta	0.0364			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0272			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.1469			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0249			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0259			
60	Hoden_n	0.0084			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0195			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0281			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0833			
	Prostata_n	0.0061			
	Sinnesorgane	0.0465			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

## Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 606

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0195	0.0070	2.7658	0.3616
	Brust	0.0132	0.0084	1.5655	0.6388
	Dickdarm	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0027	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0000	0.0024	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0053	0.0000	undef
	Gehirn	0.0046	0.0040	1.1605	0.8617
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0304	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0068	0.0018	3.6835	0.2715
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0037	2.7833	0.3593
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0276	0.0000	undef
	Prostata	0.0132	0.0078	1.6882	0.5923
	T_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0222	0.0046	4.8192	0.2075
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0027			
	Penis	0.0295			
	Samenblase	0.0493			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
35	Gastrointestinal	0.0139			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0072			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0182			
45	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0068			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0017			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0010			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0045			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0155			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

## Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 607

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0014	0.0000	undef
	Dickdarm	0.0038	0.0057	0.6728	1.4864
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0032	0.0038	0.8479	1.1794
	Gehirn	0.0054	0.0060	0.9068	1.1028
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0127	0.0000	undef
15	Herz	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0039	0.0055	0.7016	1.4253
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0064	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0037	0.4639	2.1557
20	Niere	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0286
	Prostata	0.0038	0.0013	2.8940	0.3455
	T_Lymphom	0.0000	0.0075	0.0000	undef
	Uterus	0.0015	0.0138	0.1123	8.9083
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0014	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0013			
	Penis	0.0054			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
35	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0058			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0097			
60	Hoden_n	0.0125			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0070			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0000			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0310			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

## Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 608

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0000	0.0047	0.0000	undef
	Brust	0.0018	0.0000	undef	0.0000
	Dickdarm	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0016	0.0124	0.1293	7.7318
	Gehirn	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0063	0.0000	undef
15	Herz	0.0020	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0040	0.0059	0.6786	1.4737
	Lunge	0.0019	0.0037	0.5262	1.9004
	Magen-Speiserohre	0.0145	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0045	0.0048	0.9285	1.0770
	Pankreas	0.0017	0.0221	0.0748	13.3710
	Prostata	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	T_Lymphom	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0030	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0053			
	Penis	0.0000			
	Samenblase	0.0070			
	Sinnesorgane	0.0235			
30		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
35	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0157			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
40	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0046			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0130			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0090			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0045			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

## Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 609

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0078	0.0023	3.3190	0.3013
	Brust	0.0035	0.0042	0.8349	1.1977
	Dickdarm	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0137	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0030	0.0143	0.2074	4.8219
	Endokrines_Gewebe	0.0064	0.0160	0.4024	2.4852
	Gehirn	0.0041	0.0080	0.5077	1.9696
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0080	0.0059	1.3571	0.7369
	Lunge	0.0049	0.0055	0.8770	1.1402
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0064	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0037	1.8555	0.5389
20	Niere	0.0000	0.0048	0.0000	undef
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0282
	Prostata	0.0104	0.0026	3.9794	0.2513
	T_Lymphom	0.0051	0.0075	0.6762	1.4788
	Uterus	0.0044	0.0046	0.9638	1.0375
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0040			
	Penis	0.0000			
	Samenblase	0.0070			
	Sinnesorgane	0.0118			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
35	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefasse	0.0071			
	Lunge	0.0072			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0121			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0122			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0130			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0010			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0090			
	Prostata_n	0.0061			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

## Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 610

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0026	0.0042	0.6262	1.5969
	Dickdarm	0.0019	0.0028	0.6728	1.4864
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Eierstock	0.0000	0.0024	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0046	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0161	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0000	0.0018	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0286
	Prostata	0.0000	0.0013	0.0000	undef
	T_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0015	0.0046	0.3368	2.9694
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0013			
	Penis	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
35	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
40	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0010			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0000			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

## Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 611

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Dickdarm	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0016	0.0018	0.9054	1.1045
	Gehirn	0.0012	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0010	0.0275	0.0369	27.0862
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0037	0.4639	2.1557
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0282
	Prostata	0.0000	0.0039	0.0000	undef
	T_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0015	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0055	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0067			
	Penis	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0028			
35	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0520			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
40	Lunge	0.0072			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0612			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0209			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden_n	0.0042			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0010			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0045			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

## Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 612

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0075	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0078	0.0117	0.6638	1.5064
	Brust	0.0114	0.0169	0.6784	1.4741
	Dickdarm	0.0115	0.0085	1.3456	0.7432
	Duenn darm	0.0110	0.0107	1.0306	0.9703
10	Eierstock	0.0059	0.0072	0.8295	1.2055
	Endokrines Gewebe	0.0144	0.0038	3.8156	0.2621
	Gehirn	0.0193	0.0110	1.7586	0.5686
	Haut	0.0220	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0190	0.0000	undef
15	Herz	0.0173	0.0137	1.2552	0.7967
	Hoden	0.0080	0.0059	1.3570	0.7369
	Lunge	0.0165	0.0111	1.4909	0.6707
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0128	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0037	1.3917	0.7186
20	Niere	0.0179	0.0048	3.7136	0.2693
	Pankreas	0.0033	0.0442	0.0748	13.3714
	Prostata	0.0085	0.0039	2.1705	0.4607
	T_Lymphom	0.0101	0.0075	1.3525	0.7394
	Uterus	0.0093	0.0138	0.6735	1.4847
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0096	0.0304	0.3156	3.1685
	Haematopoetisch	0.0094			
	Penis	0.0134			
	Samenblase	0.0352			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
35	Gehirn	0.0188			
	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
40	Lunge	0.0145			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0185			
	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
50	Brust	0.0068			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0513			
	Haut-Muskel	0.0194			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0586			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0161			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0068			
	Prostata_n	0.0182			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

## Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 613

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Dickdarm	0.0000	0.0028	0.0000	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Eierstock	0.0000	0.0024	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0029	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0072	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Prostata	0.0009	0.0013	0.7235	1.3821
	T_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0015	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000			
	Penis	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
35	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
40	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0251			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden_n	0.0042			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0000			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

## Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 614

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0050	0.0272	0.1840	5.4361
	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0070	0.0000	undef	0.0000
	Dickdarm	0.0096	0.0057	1.6820	0.5945
	Duennndarm	0.0082	0.0107	0.7730	1.2937
10	Eierstock	0.0000	0.0048	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0177	0.0057	3.1090	0.3216
	Gehirn	0.0030	0.0130	0.2325	4.3010
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0232	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0041	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0019	0.0092	0.2105	4.7510
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0128	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0134	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0033	0.0166	0.1994	5.0143
	Prostata	0.0094	0.0078	1.2058	0.8293
	T_Lymphom	0.0126	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0015	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0107			
	Penis	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
35	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
40	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
50	Brust	0.0136			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0151			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0257			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0070			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0023			
	Prostata_n	0.0121			
	Sinnesorgane	0.0232			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

## Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 615

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0009	0.0028	0.3131	3.1939
	Dickdarm	0.0000	0.0057	0.0000	undef
	Duenndarm	0.0055	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0000	0.0024	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0018	0.0010	1.8135	0.5514
	Haut	0.0073	0.0394	0.1862	5.3703
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0059	0.0000	undef
	Lunge	0.0039	0.0037	1.0524	0.9502
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0221	0.0000	undef
	Prostata	0.0019	0.0013	1.4470	0.6911
	T_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0013			
	Penis	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
35	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0181			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0182			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden_n	0.0084			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0045			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

## Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 616

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0000	0.0094	0.0000	undef
	Brust	0.0070	0.0098	0.7157	1.3973
	Dickdarm	0.0057	0.0114	0.5046	1.9818
	Duenndarm	0.0027	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0119	0.0024	4.9773	0.2009
	Endokrines_Gewebe	0.0112	0.0071	1.5844	0.6312
	Gehirn	0.0075	0.0070	1.0776	0.9280
	Haut	0.0037	0.0394	0.0931	10.7394
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0041	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0039	0.0037	1.0524	0.9502
	Magen-Speiserohre	0.0145	0.0064	2.2671	0.4411
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0045	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0050	0.0276	0.1795	5.5712
	Prostata	0.0094	0.0065	1.4470	0.6911
	T_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0044	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0014	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0053			
	Penis	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
35	Gastrointestinal	0.0111			
	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0513			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0098			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0040			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0023			
	Prostata_n	0.0121			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

## Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 617

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0000	0.0023	0.0000	undef
	Brust	0.0018	0.0028	0.6262	1.5969
	Dickdarm	0.0019	0.0028	0.6728	1.4864
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Eierstock	0.0030	0.0072	0.4148	2.4110
	Endokrines_Gewebe	0.0016	0.0019	0.8479	1.1794
	Gehirn	0.0036	0.0020	1.8135	0.5514
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0127	0.0000	undef
15	Herz	0.0051	0.0137	0.3692	2.7087
	Hoden	0.0000	0.0118	0.0000	undef
	Lunge	0.0019	0.0055	0.3508	2.8506
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0037	0.9278	1.0778
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Prostata	0.0028	0.0000	undef	0.0000
	T_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0000	0.0046	0.0000	undef
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0014	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0040			
	Penis	0.0054			
	Samenblase	0.0070			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
35	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
40	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
50	Brust	0.0068			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0000			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

## 2.2 Fisher-Test

Um zu entscheiden, ob eine Partial-Sequenz  $S$  eines Gens in einer Bibliothek für Normal-Gewebe signifikant häufiger oder seltener vorkommt als in einer Bibliothek für entartetes Gewebe, wird Fishers Exakter Test, ein statistisches Standardverfahren (Hays, W. L., (1991) Statistics, Harcourt Brace College Publishers, Fort Worth), durchgeführt.

Die Null-Hypothese lautet: die beiden Bibliotheken können bezüglich der Häufigkeit zu  $S$  homologer Sequenzen nicht unterschieden werden. Falls die Null-Hypothese mit hinreichend hoher Sicherheit abgelehnt werden kann, wird das zu  $S$  gehörende Gen als interessanter Kandidat für ein Krebs-Gen akzeptiert, und es wird im nächsten Schritt versucht, eine Verlängerung seiner Sequenz zu erreichen.

### Beispiel 3

#### Automatische Verlängerung der Partial-Sequenz

Die automatische Verlängerung der Partial-Sequenz  $S$  vollzieht sich in drei Schritten:

1. Ermittlung aller zu  $S$  homologen Sequenzen aus der Gesamtmenge der zur Verfügung stehenden Sequenzen mit Hilfe von BLAST
2. Assemblierung dieser Sequenzen mittels des Standardprogramms GAP4 (Bonfield, J. K., Smith, K. F., und Staden R. (1995), Nucleic Acids Research 23 4992-4999) (Contig-Bildung).
3. Berechnung einer Konsens-Sequenz  $C$  aus den assemblierten Sequenzen

Die Konsens-Sequenz  $C$  wird im allgemeinen länger sein als die Ausgangssequenz  $S$ . Ihr elektronischer Northern-Blot wird demzufolge von dem für  $S$  abweichen. Ein erneuter Fisher-Test entscheidet, ob die Alternativ-Hypothese der Abweichung von einer gleichmäßigen Expression in beiden Bibliotheken aufrechterhalten werden kann. Ist dies der Fall, wird versucht,  $C$  in gleicher Weise wie  $S$  zu verlängern. Diese Iteration wird mit der jeweils erhaltenen Konsensus-Sequenzen  $C_j$  ( $i$ : Index der Iteration) fortgesetzt, bis die Alternativ-Hypothese verworfen wird (if  $H_0$  Exit; Abbruchkriterium I) oder bis keine automatische Verlängerung mehr möglich ist (while  $C_j > C_{j-1}$ ; Abbruchkriterium II).

Im Fall des Abbruchkriteriums II bekommt man mit der nach der letzten Iteration vorliegenden Konsens-Sequenz eine komplette oder annähernd komplette Sequenz eines Gens, das mit hoher statistischer Sicherheit mit Krebs in Zusammenhang gebracht werden kann.

5 Analog der oben beschriebenen Beispiele konnten die in der Tabelle I beschriebenen Nukleinsäure-Sequenzen aus Pankreastumorgewebe gefunden werden.

10 Ferner konnten zu den einzelnen Nukleinsäure-Sequenzen die Peptidsequenzen (ORF's) bestimmt werden, die in der Tabelle II aufgelistet sind, wobei wenigen Nukleinsäure-Sequenzen kein Peptid zugeordnet werden kann und einigen Nukleinsäure-Sequenzen mehr als ein Peptid zugeordnet werden kann. Wie bereits oben erwähnt, sind sowohl die ermittelten Nukleinsäure-Sequenzen, als auch die den Nukleinsäure-Sequenzen zugeordneten Peptid-Sequenzen Gegenstand der  
15 vorliegenden Erfindung.

#### Beispiel 4

##### Kartierung der Nukleinsäure-Sequenzen auf dem humanen Genom

20 Die Kartierung der humanen Gene erfolgte unter Verwendung des Stanford G3 Hybrid-Panels (Stewart et al., 1997), der von Research Genetics, Huntsville, Alabama vertrieben wird. Dieses Panel besteht aus 83 verschiedenen genomischen DNAs von Mensch-Hamster Hybridzelllinien und erlaubt eine Auflösung von 500  
25 Kilobasen. Die Hybridzelllinien wurden durch Fusion von bestrahlten diploiden menschlichen Zellen mit Zellen des Chinesischen Hamsters gewonnen. Das Rückhaltemuster der humanen Chromosomenfragmente wird mittels genspezifischer Primer in einer Polymerase-Kettenreaktion bestimmt und mit Hilfe der vom Stanford RH Server verfügbaren Software analysiert ([http://www.stanford.edu/RH/rhserver\\_form2.html](http://www.stanford.edu/RH/rhserver_form2.html)). Dieses Programm bestimmt den STS-Marker, der am nächsten zum gesuchten Gen liegt. Die entsprechende zytogenetische Bande wurde unter Verwendung des "Mapview"-Programms der Genome Database (GDB), (<http://gdbwww.dkfz-heidelberg.de>) bestimmt.

30 Neben dem kartieren von Genen auf dem menschlichen Chromosomensatz durch verschiedene experimentelle Methoden ist es möglich die Lage von Genen auf diesem durch bioinformatische Methoden zu bestimmen. Dazu wurde das bekannte Programm e-PCR eingesetzt (Schuler GD (1998) Electronic PCR: bridging the gap between genome mapping and genome sequencing. Trends Biotechnol 16; 456-459, Schuler GD (1997). Sequence mapping by electronic PCR. Genome Res 7; 541-  
40 550). Die dabei eingesetzte Datenbank entspricht nicht mehr der in der Literatur angegebenen, sondern ist eine Weiterentwicklung, welche Daten der öffentlichen Datenbank RHdb (<http://www.ebi.ac.uk/RHdb/index.html>) einschließt. Analog zu der Kartierung durch die Hybrid-Panels erfolgte eine Auswertung der Ergebnisse mit der obengenannten Software und der Software des Whitehead-Institutes  
45 (<http://carbon.wi.mit.edu:8000/cgi-bin/contig/rhmapper.pl>).

**Beispiel 5****Gewinnung von genomischen DNA-Sequenzen (BAC-Klone)**

- 5 Die die entsprechenden cDNA enthaltenen genomischen BAC-Klone (<http://www.tree.caltech.edu/>; Shizuya, H., B. Birren, U-J. Kim, V. Mancino, T. Slepak, Y. Tachiiri, M. Simon (1992) Proc. Natl. Acad. Sci., USA 89: 8794-8797) wurden mit der Prozedur des "down-to-the-well" isoliert. Bei dieser Prozedur wird eine Bibliothek bestehend aus BAC-Klonen (die Bibliothek überdeckt ca. 3 x das humane Genom)
- 10 in ein bestimmtes Raster gebracht, so daß die DNA dieser Klone mit einer spezifischen PCR untersucht werden kann. Dabei erfolgt ein "Poolen" der DNA verschiedener BAC-Klone. Durch eine kombinatorische Analyse ist es möglich die Klone zu bestimmen, die die gesuchte DNA enthalten. Durch das Festlegen der Klone kann die Adresse der Klone in der Bibliothek bestimmt werden. Diese Adresse
- 15 zusammen mit dem Namen der verwendeten Bibliothek legen die Klone und damit die DNA-Sequenz dieser Klone eindeutig fest.

Die nachfolgenden Beispiele erläutern die erfolgreiche Isolierung der genomischen BAC-Klone ohne, diese darauf zu beschränken.

Die verwendete Bibliotheken waren CITB B und CITB C:

20

Seq. ID Nr.	Identifizierte BACs		
22	266/N/19	393/M/5	504/A/18

TABELLE I

Sequenz ID No:	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nächster Marker
1	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt	AP_endonuclease1	Xp11.22	AFM106xa3 - SHGC-32184
2	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt	rrm; PRO_RICH		
3	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu M. musculus chromaffin granule ATPase II		3p14.1-p21.1	SHGC-36252 - AFMb318yf1
4	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		14q32.13-q32.31	D14S78 - D14S292
5	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	HMG-1	PRO_RICH; HMG; NLS_BP		
6	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	NY-CO-41			
7	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt	PRO_RICH	19p13.3	WI-6480
8	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu M. musculus GÖB-4		7p21.3	AFMb355wg1 - SHGC-17250
9	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu B. taurus epsilon-COP			
10	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Pyrophosphatase	Pyrophosphatase	4q23-q26	D4S1572 - D4S1571
11	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		9q34.2,3	D9S158
12	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu X. laevis dependent RNA helicase	DEAD; helicase_C	5q34-q35.1	D5S498-D5S408
13	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt	PRO_RICH	8p23.1	D8S277-D8S503
14	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt	PRO_RICH; NLS_BP	9q34.13-q34.2	D9S1818-D9S158
15	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		10q21.3-q22.1	SHGC-30283
16	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt			
17	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		15q23	D15S114 - D15S1329
18	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		11p11.2-q13.1	D11S1368 - SHGC-31731

Sequenz ID No.	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nächster Marker
19	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		5q34	
20	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		14q31.3-q32.11	AFMa116zf5 - D14S968
21	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt	EGF;	11q13.1-q13.4	D11S913 - D11S951E
22	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		1p36.13	SHGC-52575
23	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt	lactamase_B	12q24.22-q24.23	AFMa225xe5 - SHGC-10488
24	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt	ESTERASE;	3p21.1-p21.2	SHGC-14816 - WI-7113
25	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt			
26	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt			
27	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		11q13.1.q13.4	D11S913-D11S1337
28	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt			
29	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		10q23.1	SHGC-37613 - AFM029XH12
30	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		7q36.2-q36.3	
31	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt			
32	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		7p22.3-p22.1	D7S2477 - D7S517
33	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt			
34	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt			
35	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		12p11.23-p13.11	D12S1629 - D12S1922
36	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt			
37	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu M. musculus NIK	PRO_RICH; ROM_MOTIF; CNH		

Sequenz ID No:	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nächster Marker
38	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu molybdoterin biosynthesis MOEB protein	ThiF_family;	3q23	
39	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		22q13.2-q13.32	IB1149 - D22S270
40	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		7q33-q35	WI-9353
41	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		11q22.3-q23.2	D11S1347 - D11S908
42	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Fas-ligand associated factor 3	SH3; PRO_RICH		
43	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu M. musculus SH3P7	cofilin_ADF; SH3	7p12.2-p13	D7S519 - D7S506
44	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu C. elegans FER-1	PRO_RICH; PRO_RICH; C2_DOMAIN_2	10q23.1	D10S583; D10S185
45	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu C. griseus ars2		7q22.1	sWSS3840
46	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu einem man(9)-alpha-mannosidase ähnlichen Protein aus C. elegans		9	SHGC-37250
47	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	JM4		Xp21.1-Xp11.23	SHGC-17255 - SHGC-37390
48	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Homolog zu cyclin C (CCNC)	PRO_RICH		
49	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Homolog zu VAMP associated protein of 33kDa		20q12-q13.33	
50	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Homolog zu Prepromultimerin	PRO_RICH	10q23.1	D10S564 - SHGC-15188
51	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		3p21.31-p21.1	AFM273ve9 - SHGC-30574
52	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Homolog zu Fructose-1,6-biphosphatase		9q22.2	AFM212yb4 - WI-1164
53	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt	PRO_RICH		
54	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Hic-5	LIM	16p11.2	SHGC-36123 - SHGC-5949
55	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		1q21.2-q21.3	D1S305-D1S506

Sequenz ID No.	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nächster Marker
56	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Polymeric immunoglobulin receptor	ig	1q32.2-q21.3	SHGC-11228; D1S456-D1S2891
57	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu H beta 58		11q23.2-q25	D11S1320 - D11S968
58	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu R. norvegicus TIP49	AAA	3q21.3-q22.1	SHGC-31856
59	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu R. norvegicus ABP-7		2q11.2	
60	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Agrin	laminin_G; EGF		
61	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Triose-phosphate isomerase	TIM	12q24.33	D12S367; WI-5272
63	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu M. musculus polymerase I-transcript release factor	PRO_RICH	17q11.2-q21.31	D17S800 - D17S791
64	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu M. musculus AP19	Clat_adaptor_s	Xp22.33-p22.13	
65	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Homolog zu Ras inhibitor			
66	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt			
67	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu S. pombe POP3	WD40_REGION	16p13.3	WI-7742
68	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt	PRO_RICH;	8p12	
69	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		10q23.31-q23.32	Z38397
70	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt			
71	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Homolog zu APRIL	TNF; PRO_RICH	17p13.2	SHGC-31356 - SHGC-31370
72	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt	PRO_RICH	9p24.1-p23	D9S178 - D9S286
73	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		3p21.31-p21.1	SHGC-31529
74	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	SH3 domain binding glutamic acid-rich-like protein		Xp13.1-p22.1	SHGC-34549; DXS983-DXS995
75	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		16p12.3-q12.1	D16S401 - D16S411

Sequenz ID No.	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nächster Marker
76	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	KE04p	PRO_RICH	10q23.31-q24.1	SGC32598; D10S198-D10S192
77	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		5q23.3-q31.1	TIGR-A002114; D5S396-D5S2119
78	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt			
79	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt	PRO_RICH		
80	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu M. musculus cell surface antigen 114/A10		3q12.3-q22.3	WI-16550; D3S1267 - D3S1269
81	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu R. norvegicus RNH-1/14-3-3	14-3-3	20q13.12-q13.2	stSG3015; D20S96 - D20S119
82	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		20q12	SHGC-5757; nib2203 - WI-7121
83	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		8q23.1-q24.23	WI-10125; D8S263-D8S284
84	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		9q34.11-q34.12	SGC34869; D9S260 - D9S159
85	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	hD54		20q13.33	SHGC-3176; SHGC-9476 - SHGC-9199
86	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		21q22.12-q22.13	TIGR-A008B34; D21S1254 - D21S1252
87	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu S. pombe TPR	TPR_REGION; TPR_REPEAT		
88	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu M. musculus seizure-related mRNA	PRO_RICH	15q22.2-q22.31	WI-5241; WI-7454
90	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Human KIP2 gene for Cdk-inhibitor p57KIP2 Homolog			
91	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	sFRP-2	PRO_RICH; FZ_DOMAIN; NETRIN_CT	4q31.3	SHGC-1050; WI-15550 - D4S1046
92	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Homolog zu Lung Carbonyl Reductase	adh_short	17	D17S784, n.r. (117 cM)
93	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu C. elegans MSR4 like protein	mito_carr	8p22-p12	stSG8989; D8S298 - D8S505
94	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt			
95	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt	Fork_head	3p14.1	D3S1566; CHLC.GATA52H09

Sequenz ID No:	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nächster Marker
96	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt	C2	12q13.12-q13.13	WI-7760
98	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		1q32.2	SHGC-11228; SHGC-36215 - SHGC-12033
99	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	F1FO-type ATPase subunit d			
100	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt			
101	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu M. musculus SIK similar protein	NLS_BP	16q24.1-q24.2	CHLC.GATA71F09
102	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt			
103	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Human DNA sequence from clone 506		22q13.1	SHGC-2785; IB342 - SHGC-37043
104	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	MSJ-1	DnaJ	11q13.2-q13.4	AFMa190xd9
105	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt	PDZ	Xq12.2	CHLC.GGATA64D08; DXS983
106	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt	UPF0034		
107	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt			
108	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Beta-galactosid alpha-2,6-sialyltransferase	Sialyltransf; PRO_RICH	3q26.33-3q28	D3S1602-D3S1580
109	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	NHERF-2	PDZ	16q22.1-q23.1	SHGC-11460
110	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		6p21.31-p21.2	
111	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	high mobility group protein	HMG_box	Xq28	
112	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Multi PDZ domain protein	NLS_BP; PDZ	9p23-p21.3	SHGC-32204; WI-7091 - SHGC-3971
113	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt	G-beta	11q12	
114	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt	NLS_BP; PRO_RICH	?	SHGC-2325; SHGC-36512
115	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		1p36.11-p36.13	

Sequenz ID No.	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nächster Marker
116	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		9q34.11-q34.2	AFMb001ve9;
117	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		17q21.31-q22	AFM122xf4 - SHGC-2757 D17S788
118	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt	PRO_RICH;	3q13.33-q23	WI-9557; D3S1589 - D3S1292
119	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		11p12-q13.1	D11S1357-D11S1765
120	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		5q34-q35.1	EST00061; SHGC-11657 - UT5261
123	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		19q13.2-q13.33	WI-11704; D19S219- D19S418
124	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		11	
125	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		Xq12.2	
126	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		20q11.21-q12	TIGR-A001Z33; D20S195- D20S107
127	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		10q25.3	CHLC.GATA71C09
128	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	LBP-1a	PRO_RICH;	3p22.3	GATA8A06
129	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		17q21.32-q22	SHGC-31935; NIB1385 - SHGC-30378
130	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt			
131	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		13	SHGC-6203
132	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		7p13	AFM288vb5; D7S679 - D7S2561
133	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		14q24.2-q24.3	WI-7648; D14S946
134	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		19p13.3	SHGC-1247
135	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		1p34.3	SHGC-6708; D1S432 - D1S2540
136	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt	PRO_RICH;	5q32-q33.1	

Sequenz ID No:	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nächster Marker
137	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		8q21.11 =pct141	SHGC-53839/AFM172xf10
138	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt			
139	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		11q14.3-q22.2	
140	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt	GLOBIN	Xq22.3-q25	SHGC-32433
142	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		17p13.2-p12	siSG4857; D17S796 - D17S960
143	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		16q12.2-q13	AFMa061yb5
144	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		2p24.1	AFM200ZC11; AFM207vo7 - SHGC-30375
145	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Homo sapiens mRNA for putatively prenylated protein	PRO_RICH;	Xq25-q27.3	WI-6213; WI-5285
146	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	TFG		6p21.2	SHGC-31456; SHGC-10980 - SHGC-16715
147	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	MLN50	LIM_DOMAIN_2; SH3	17q11.2	SHGC-36242; SHGC-3073 - AFMa302yb5
148	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	HLA-F	MHC_I; PRO_RICH	6p21.31	SHGC-4087; SHGC-10115 - SHGC-17229
149	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Adenylate cyclase inhibiting GTP-binding protein	G-alphaarf	12p12.3	SHGC-2112; D12S308 - D12S1832
151	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	AHNAK	PRO_RICH; RICIN_B_LLECTIN	11p11.2-q13.1	SHGC-15940; D11S1368 - SHGC-31731
153	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	hPGI	LRR	Xq28	SHGC-35272
154	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Mac-2 binding protein	PRO_RICH	17	SHGC-11286; SHGC-33563 - AFM163yg1
155	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	BRG1		19p13.2-p13.3	SHGC-9937; D19S221 - D19S226
156	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Gry-rbp	RBD; PRO_RICH; rrm	20p13-p12.3	SHGC-56771; D20S816 - D20S779
157	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	NC2 alpha subunit	HIST_TAF	11q13.1-q13.3	SHGC-1320; D11S951E - SHGC-10519

Sequenz ID No:	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nächster Marker
597	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 7			
598	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 25			
599	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 28			
600	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 32			
601	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 35			
602	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 44			
603	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 56			
604	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 57			
605	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 61			
606	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 63			
607	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 67			
608	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 69			
609	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 72			
610	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 82			
611	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 93			
612	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 94			
613	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 95			
614	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 108			
615	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 111			

Sequenz ID No:	Expression	Funktion	Cytogenetische Lokalisation	Nächster Marker
616	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 113		
617	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 130		

TABELLE II

DNA-Sequenzen Seq ID No:	Peptid-Sequenzen Seq. ID. No.
1	158
	159
	160
2	161
	162
	163
3	164
	165
	166
4	167
	168
	169
5	170
	171
	172
6	173
	174
	175
7	176
	177
	178
8	179
	180
	181
9	182
	183
	184
10	185
	186
	187
11	188
	189
	190
12	191
	192
	193
13	194
	195
	196
14	197
	198
	199
15	200
	201
	202
16	203
	204
	205
17	206
	207

WO 99/55858

PCT/DE99/01258

DNA-Sequenzen Seq ID No:	Peptid-Sequenzen Seq. ID. No.
18	208
	209
	210
	211
19	212
	213
	214
20	215
	216
	217
21	218
	219
	220
22	221
	222
	223
23	224
	225
	226
24	227
	228
	229
25	230
	231
	232
26	233
	234
	235
27	236
	237
	238
28	239
	240
	241
29	242
	243
	244
30	245
	246
	247
31	248
	249
	250
32	251
	252
	253
33	254
	255
	256
34	257
	258
	259

DNA-Sequenzen Seq ID No:	Peptid-Sequenzen Seq. ID. No.
35	260
	261
	262
36	263
	264
	265
37	266
	267
	268
38	269
	270
	271
39	272
	273
	274
40	275
	276
	277
	278
41	279
	280
	281
42	282
	283
	284
43	285
	286
	287
44	288
	289
	290
45	291
	292
	293
46	294
	295
	296
47	297
	298
	299
48	300
	301
	302
49	303
	304
	305
50	306
	307
	308
51	309
	310

DNA-Sequenzen Seq ID No:	311 Peptid-Sequenzen Seq. ID. No.
52	312
	313
	314
53	315
	316
	317
54	318
	319
	320
55	321
	322
	323
56	324
	325
	326
	327
57	328
	329
58	330
	331
	332
59	333
	334
59	335
60	336
	337
	338
61	339
	340
	341
63	345
	346
	347
64	348
	349
	350
65	351
	352
	353
66	354
	355
	356
67	357
	358
	359
68	360
	361
	362
69	363
	364
	365

DNA-Sequenzen Seq ID No:	Peptid-Sequenzen Seq. ID. No.
70	366
	367
	368
71	369
	370
	371
72	372
	373
	374
73	375
	376
	377
74	378
	379
	380
75	381
	382
	383
76	384
	385
	386
77	387
	388
	389
78	390
	391
	392
79	393
	394
	395
80	396
	397
	398
81	399
	400
	401
82	402
	403
	404
83	405
	406
	407
84	408
	409
	410
85	411
	412
	413
86	414
	415
	416

DNA-Sequenzen Seq ID No:	Peptid-Sequenzen Seq. ID. No.
87	417
	418
	419
88	420
	421
	422
90	426
	427
	428
	429
91	430
	431
	432
92	433
	434
	435
93	436
	437
	438
94	439
	440
	441
	442
95	443
95	444
96	445
	446
	447
	451
98	452
	453
	454
	455
99	456
	457
	458
	459
100	460
	461
	462
101	463
	464
	465
102	466
	467
	468
103	469
	470
	471
104	472

DNA-Sequenzen Seq ID No:	Peptid-Sequenzen Seq. ID. No.
105	473
	474
	475
106	476
	477
	478
107	479
	480
	481
108	482
	483
	484
109	485
	486
	487
110	488
	489
	490
111	491
	492
	493
112	494
	495
	496
113	497
	498
	499
	500
114	501
	502
	503
115	504
	505
	506
116	507
	508
	509
117	510
	511
	512
118	513
	514
118	515
119	516
	517
	518
120	519
	520
	521
123	528
	529

WO 99/55858

PCT/DE99/01258

DNA-Sequenzen Seq ID No:	Peptid-Sequenzen Seq. ID. No.
	530
124	531
	532
	533
125	534
	535
	536
126	537
	538
	539
127	540
	541
	542
128	543
	544
	545
129	546
	547
	548
130	549
	550
130	551
131	552
	553
	554
132	555
	556
	557
133	558
	559
	560
134	561
	562
	563
135	564
	565
	566
136	567
	568
	569
137	570
	571
	572
138	573
	574
	575
139	576
	577
	578
	579
	580
	581

DNA-Sequenzen Seq ID No:	Peptid-Sequenzen Seq. ID. No.
140	582
	583
	584
142	588
	589
	590
143	591
	592
	593
144	594
	595
	596
597	618
	619
598	620
	621
599	622
	623
600	624
	625
601	626
	627
602	628
	629
603	630
	631
604	632
	633
605	634
	635
606	636
	637
607	638
	639
608	640
	641
609	642
	643
610	644
	645
611	646
	647
612	648
	649
613	650
	651
614	652
	653
615	654
	655
616	656

DNA-Sequenzen Seq ID No:	Peptid-Sequenzen Seq. ID. No.
617	657 658 659

5 Die erfinderischen Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 1-157, 597-617 der  
ermittelten Kandidatengene und die ermittelten Aminosäure-Sequenzen Seq. ID No  
158-596, 618-659 werden in dem nachfolgenden Sequenzprotokoll beschrieben.

**Sequenzprotokoll****(1) ALLGEMEINE INFORMATION:**

- 5 (i) ANMELDER:  
(A) NAME: metaGen - Gesellschaft für Genomforschung mbH  
(B) STRASSE: Ihnestrasse 63  
(C) STADT: Berlin  
(E) LAND: Deutschland  
10 (F) POST CODE (ZIP): D-14195  
(G) TELEFON: (030)-8413 1673  
(H) TELEFAX: (030)-8413 1674
- 15 (ii) TITEL DER ERFINDUNG: Menschliche Nukleinsäure-Sequenzen aus  
Pankreastumorgewebe
- (iii) Anzahl der Sequenzen: 633
- 20 (iv) COMPUTER READABLE FORM:  
(A) MEDIUM TYPE: Floppy disk  
(B) COMPUTER: IBM PC compatible  
(C) OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS  
25 (D) SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25 (EPO)
- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 1:**
- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
30 (A) LÄNGE: 1202 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear
- 35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 40 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:
- 45 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:1
- 50

```
cttcacgat agctaccgct gcttccaacc aaagcaggag ggggccttca cctgctggtc 60
agcagtcact ggcgcccgc atctcaacta tggctcccgg cttgactata ccctggggga 120
```

```

5  caggaccctg gtcatagaca cctttcaggc ctctttcctg ctgcctgagg tgatgggctc 180
   tgaccactgc cctgtgggtg cagtcttgag tgtgtcctct gtgcctgcaa aacagtgcc 240
   acctctgtgc acccgcttcc tccctgagtt tgcaggcacc cagctcaaga tccttcgctt 300
   cctagtctct ctogaacaaa gtccctgtgt ggagcagtcg acgctgcagc acaacaatca 360
   aaccgggta cagacatgcc aaaacaaagc ccaagtgcgc tcaaccaggc ctacagccag 420
   tcagggttggc tctagcagag gccagaaaaa cctgaagagc tactttcagc cctcccctag 480
   ctgtcccaa gcctctcctg acatagagct gcctagccta ccactgatga gcgccctcat 540
   gaccccgaa actocagaag agaaggcagt ggccaaagtg gtgaaggggc aggccaaagc 600
   ttcagaagcc aaagatgaga aggagttacg gacctcattc tggaggtctg tgctggcggg 660
10  gcccttgccg acacccctct gtgggggcca caggagacca tgtgtgatgc gtactgtgaa 720
   gaagccagga cccaacttgg gcgcgcgctt ctacatgtgt gccaggcccc ggggtcctcc 780
   cactgacccc tcctcccggt gcaattcttc ctctggagca ggcccagctg aaccaatgga 840
   ggccctggga catctggcat ggtcacccct gcacatgatc tgaggccagc tccccttccc 900
   tgagctgcct cctgcttctc cctcaaagtc tcctaccctt ctcttctctt ttaagccct 960
15  ctcttctctg ctttcccttc tacctagctc ctgtgtgggt agcttcttgt gccttaatcc1020
   tgtgaccag ccccttacac cactttccac cttcctgtcc gaagtacac gacactagct1080
   gcccaggaa gttgtgtgat tttaaatcac ttctgtcttt gctggaaagt gtatttgtgc1140
   ataaataaag tctgtgtatt tgtttcaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaagga ggtttgaagg1200
   gg
1202

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 2:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1072 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:2

```

45  cctccatcag ctgcgcgcgc agcggtctga tttgcggcct gtgcgagtag gcgcttgggc 60
   actcagtcct cctggcgagc gacgggcaga aatctcgaa cagtggagcg cactcgtaac 120
   ctggatccca gaaggtcgcg aaggcagtag cgtttcctca gcggcggaact gctgcagtaa 180
   gaatgtcttt tccacctcat ttgaatcgcc ctcccatggg aatcccagca ctcccaccag 240
   ggatcccacc cccgcagttt ccaggatttc ctccacctgt acctccaggg accccaatga 300
50  ttctgttacc aatgagcatt atggctcctg ctccaactgt cttagtacct actgtgtcta 360
   tggttggaag gcaattgggc gcaagaaagg atcatccagg cttaaaggct aaagaaaatg 420
   atgaaaattg tggtcctact accactgttt ttgttgcaa catttccgag aaagcttcag 480
   acatgcttat aagacaactc ttagctaaat gtggtttggg ttgagctgg aagagagtac 540
   aaggtgcttc cggaaagctt caagccttcg gattctgtga gtacaaggag ccagaatcta 600
55  cctccgtgac actcagatta ttacatgacc tgcaaatgg agagaaaaag ctactcgta 660
   aagttgatgc aaagacaaag gcacagctgg atgaatggaa agcaaagaag aaagcttcta 720
   atgggaatgc aaggccagaa actgtcacta atgacgatga agaagccttg gatgaagaaa 780

```

caaagaggag agatcagatg attaaagggg ctattgaagt ttttaattcgt gaatactcca 840  
 gtgagctaaa tgccccctca caggaatctg attctcacc ccaggaagaa gaagaaggaa 900  
 aagaaggagg acatttttccg cagattttcca gtggccccac tgatccctta tccactcatc 960  
 actaaggagg atataaatgc tataagaatg gaagaagaca aaagagacct gatattctcga1020  
 5 gagatcagca aattcagaga cacacataag aaactggaag aagagaaagg ca 1072

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 3

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 10 (A) LÄNGE: 1468 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 15 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 20 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

- 25 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 3

30 gcacgaggta ttatgctgtc gtatggctcc actgcagaaa gcaaaagtaa taagactaat 60  
 aaaaatatca cctgagaaac ctataacatt ggctgttggt gatggtgcta atgacgtaag 120  
 catgatacag gaggcccatg ttggcatagg aatcatgggt aaagaaggaa gacaggctgc 180  
 aagaaacagt gactatgcaa tagccagatt taagtctctc tccaaattgc tttttgttca 240  
 35 tggtcatttt tattatatta gaatagctac ccttgtagag tatttttttt ataagaatgt 300  
 gtgctttatc acaccccatg ttttatatca gttctactgt ttgttttctc agcaaacatt 360  
 gtatgacagc gtgtacotga ctttatacaa tatgtgtttt acttccctac ctattctgat 420  
 atatagtctt ttggaacagc atgtagaccc tcatgtgtta caaaataagc ccacccttta 480  
 tcgagacatt agtaaaaacc gcctcttaag tattaaaaca tttctttatt ggaccatcct 540  
 40 gggcttcagt catgccttta tttctttttt tggatcctat ttactaatag ggaaagatac 600  
 atctctgctt ggaaatggcc agatgttttg aaactggaca tttggcactt tggctttcac 660  
 agtcatgggt attacagtca caataaagat ggctctggaa actcattttt ggacttggat 720  
 caaccatctc gttacctggg gatctattat attttatttt gtattttcct tgttttatgg 780  
 agggattctc tggccatttt tgggctocca gaatatgtat tttgtgttta ttcagctcct 840  
 45 gtcaagtggg tctgcttggt ttgccataat cctcatgggt gttacatgtc tatttcttga 900  
 tatcataaag aaggtctttg accgacacct ccaccctaca agtactgaaa aggcacagat 960  
 gtactccaac acagttgctt taagtgcaga gttcatcgca ctgcagccat tgtcgagggc1020  
 aaggaatcag ctgagcaaac ttagcttact gaaacaaatg cagggtatcaa gtgcttggac1080  
 tccatgtgct gtttcccga aggagaagca gcgtgtgcat ctggttgaag aatgctggaal140  
 50 cgagttagat gaagatgtag tccaaccac atcagcaggt gtgaaatctc tctaagtagc1200  
 ctttctgca gatgagtac ctatctggaa caggatgaac ctgccgctct agatacctaa1260  
 taaatcagca gctgggttta ccaactgaag caggaagtct gctattttatt agcactcttt1320  
 ggtgtagat ttcactttgt ggctttggg taagggcttt ttcactcaca aaggaagaga1380  
 aagcaccttt gaagagactt catctaatag acaaaaaatt ttgtttcata atctttctaa1440  
 55 aatgggctca gtaggagtggt gtgtatgg 1468

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 4:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2331 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 4

```

cggctcgaga aaggacctct cccttttcag atgcctggca tgaggcttcc agaaaccag 60
gttcttccag gagaaataga tgagactcct ctttccaagc caggacatga ccttgccagc 120
atggaggata aaacagagaa atggtcttcc cagcctgaag gtccacttaa attgaaagct 180
tcaagtactg atatgccatc ccagatttct gtggttaatg tggatcaact gtgggaagat 240
tctgtcctaa ctgtcaaatt ccccaaatta atggtaccaa ggttctcctt ccctgcccc 300
agctcagagg atgatgtgtt catccccact gtgagggaag tgcagtgtcc agaggccaat 360
attgatacag ccctttgtaa ggaaagtccg gggctctggg gagccagcat cctgaaggca 420
ggtgctgggg tccctgggga gcagcctgtg gaccttaacc tgcctttgga agctcccca 480
atttcaaagg tcagagtga tattcagggt gctcagggtg aaagtcaaga ggtcactata 540
cacagcatag tgacaccaga gttttagat ctctcagta ccaggacttt ttccactcag 600
attgtgctgg aatcagagat cccacagtc gagattcaaa caccttcgta cggattttcc 660
ttattaaaag tgaatatccc agagccccac acgcaggcta gagtgtacac aacaatgact 720
caacactcta ggactcagga gggcacagaa gaggtccca tacaagccac cccaggagta 780
gactccattt ctggagatct ccagcctgac actggagaac catttgagat gatctcttcc 840
agcgtcaatg tactgggaca gcaaacactc acatttgaa ttcttcttgg ccaccagctt 900
gcagacagct gttcagatga ggagccagca gaaattcttg agtttcccc tgatgatagc 960
caagaggcaa ccacaccact ggcagatgaa ggcagggtc caaaagacaa accagaaagt1020
aaaaaatctg gtctgctctg gttttggctt ccaaacattg ggttttctc ttctgttgat1080
gagacagggt ttgattccaa aaatgacgtc cagagatctg ctccatttca aacacagcct1140
gaggcacgac cagaggcaga actgcctaaa aaacaggaga aggcaggctg gttccgattt1200
cccaaatag ggttctctc atctcctacc aagaaaagca aaagcaccga agatggggca1260
gagctggaag aacaaaaact tcaagaagaa acaatcacgt tttttgatgc ccgagaaagt1320
ttctcccctg aagagaagga agagggtgaa ctgatcgggc ctgtgggcac tgggctggac1380
tccagagtga tggtagatc cgcggaaga acagagttaa tcctgcccga gcaggacaga1440
aaagtgcagc atgaaagcaa agggtcaggc ctgggaccaa atgaaggctg agaggatagg1500
ctcatcagta caagagagat gcaaaaaact aagttggaaa gtaaggcta cacacacata1560
tggagcacc catccacag cacattacat ccacctcact tcacagaacg gagaacagag1620
cagaaatgac cagaacacct ttgtccatc cacacagccc tcctaaaatg gaaccaagc1680
ttcccagctc cctcaaagct ttggatgcaa agaaggcacc ctgacttcca caagacacca1740
gaattcacac ggtactcaga ggcactgctg ggggaagttt ttggtcttta ttagataaat1800
ttccagagac ctgtccataa tacccaacag aacatgactg tttctttgag gaaagggta1860
taatgtctgt ggtgtacaag tcgttttttg tataacttct ttctgtctgc tgctgttcc1920
cggcaaacat agtttttcta tttcaggcag agtgcggtat attccaggaa aactgtttc1980
ctactcactt agcttacttc tttgttgaat gcctcactaa tggcaagttt caagatgttt2040
tgggtgacaa tgcacacatg ctgggcaaaa ggggatggc cagtggctgg cagctgggcc2100

```

```

agcagaagct aggacatctg tgagttgtca ttctcatcta tccatgtcca ctggcctgcc2160
agcatccgcc agtgcccttg cagtgtgcac ggtccacac tgtggcccct gagtccccta2220
atgtacacgc tgcagccaga atgcagatgg agctggcttg gctgttcctt ggatgggcaa2280
taaagaaagt gctgcatccc aaaaaaaaaa aaaaagttaa aaaaaaaagg g          2331

```

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 5:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1925 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

25

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:5

```

30 aataaaaaaa attgtattta cttagaagca ttcagaatgt caacaaaaca gccgcaattt 60
   tttttttgca attacagagt ggtattcagt taacagaaca acaattatct tcgtataagc 120
   tgcacacagag acaactgaag atgaaaaaaa taaaacccaa aaagaaaacc aaaagaaaaa 180
   aaaaaaaaaa acaaaaaaaca aaactaccat ccccatatat aactaatttg tgctgtgcac 240
   caacaagaac ctgcttttaa tttocatgcc aatttacaac ccccatactg taccaggcaa 300
35 ggtagtagtggc tattgaaaat accaccagga cagggtatc taaagacaca ttcggtagt 360
   tgtaactat acaaaaaaag acactgtaca gttaaaaaac aaatcttaca cagccttaca 420
   tttcaatttt tttcttttaa aggagtgaat tgtgtacagg ggggttaaat gctttataga 480
   caagaaaaaa aaaactgcgc tagaaccaac ttattcatca tcatcatctt cttcttcac 540
   ttcattctct tcatcttctt cctctctctc atcctcttca tcttctctc cttctctctc 600
40 ttccttcttt ttcttgcttt tttcagcctt gacaactccc ttttttgctg catcaggctt 660
   tccttttagct cgatatgcag caatatacctt ttctgtattt tccttcactt cgcagccttc 720
   ttttcataag gctgcttgct atctgcagca gtgtatttcc acatctctcc cagtctcttc 780
   gcaacatcac caatggacag gccaggatgt tctcctttga tttttgggag atactcagag 840
   cagaagagga agaaggccga aggaggcctc ttgggtgcac tggggtcctt gaacttcttt 900
45 tttgtctccc ctgtgggagg gatataaggt ttcatctctc ttccataacg ggccctgttc 960
   gcttttgcca tatcttcaaa ttttcttttc tcttttagcag acatgggtctt ccacctctct 1020
   gagcacttct tagaaaaact tgagaagttg actgaagcat ctgggtgctt cttcttatgc 1080
   tctctccgac aagtttgcac aaaaaatgca tatgatgaca ttttgctctt cggtctctta 1140
   ggatctcctt tgcccatgtt tagttatttt tctaaaaaat aaaataaata tttgatgtta 1200
50 gcaataaaat tatgacatat aagaccttaa agtacttagt aagggaatga aaaccaaagt 1260
   actgggttatt taacacagta gcgacatcaa cctccgtaaa atcagacaag aatatggccg 1320
   agagattaaa ttccttgaag gggctatgcc aagcaaacaa aacaaaacaa aaacagtcct 1380
   tcagggcgat ctcaaaaagt ctagacacaa agatataccc atacagtatt ccctatctat 1440
   ccgcccagat ctgctctgaa tgagtatcta actggtcact taaacgattt taaaatctag 1500
55 aacaccattt taaaccaacc aaaccaaagg tcagaaaaca tgctgccaat tcgtggcttt 1560
   gcactagata gggaataaac aagggcctaa gcgagtcgac tcttcctaata tatgggacct 1620
   taaaaaaaaa aatcaccgtg caccgaaagt ttcaaaaaac accctctttg cataaaactt 1680

```

tgctccaaag agggagcagc agccagctcc ggtgctcgga acccggttgg gaggtgcggt1740  
gccaccgcga ggcagcctcg tttcctatcg gtttggccct gagatgtatt tctgttctga1800  
ctaaacacgt ccggtctgaa gtttctccga gtaaacaagg atgagggaca aaagccactc1860  
ctgctcgtgg ctccgtggcc cctccccca actcgggaag tatttttttg agccgtcaaa1920  
5 gttgg 1925

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 6:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 10 (A) LÄNGE: 1368 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

- 15 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 20 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

25

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 6

30

gtcgggggagc gcgggggccgg ggcccagggg accccggggc acggagagcg ggaagaggat 60  
ggattgcccg gccctcccc cggatggaa gaaggaggaa gtgatccgaa aatctgggct 120  
aagtgcctggc aagagcgatg tctactactt cagtccaagt ggtaagaagt tcagaagcaa 180  
gcctcagttg gcaaggtagc tgggaaatac tggtgatctc agcagttttg acttcagaac 240  
35 tggaaagatg atgcctagta aattacagaa gaacaaacag agactgcgaa acgatcctct 300  
caatcaaaat aagggtaaac cagacttgaa tacaacattg ccaattagac aaacagcatc 360  
aattttcaaa caaccggtaa ccaaagtcac aaatcatcct agtaataaag tgaaatcaga 420  
cccacaacga atgaatgaac agccacgtca gcttttcttg gagaagaggc tacaaggact 480  
tagtgcatca gatgtaacag aacaaattat aaaaaccatg gaactaccca aaggtcttca 540  
40 aggagttggt ccaggtagca atgatgagac ccttttatct gctggttgcca gtgctttgca 600  
cacaagctct gcgccaatca cagggcaagt ctccgctgct gtggaaaaga accctgctgt 660  
ttggcttaac acatctcaac ccctctgcaa agcttttatt gtcacagatg aagacatcag 720  
gaaacaggaa gagcgagtac agcaagtacg caagaaattg gaagaagcac tgatggcaga 780  
catcttgctg cgagctgctg atacagaaga gatggatatt gaaatggaca gtggagatga 840  
45 agcctaagaa tatgatcagg taactttcga ccgactttcc ccaagagaaa attcctagaa 900  
attgaacaaa aatgtttcca ctggcttttg cctgtaagaa aaaaaatgta cccgagcaca 960  
tagagctttt taatgacact aaccaatgcc tttttagatg tatttttgat gtatatatct1020  
attattcaaa aaatcatgtt tattttgagt cctaggactt aaaattagtc ttttgtaata1080  
tcaagcagga ccctaagatg aagctgagct tttgatgcca ggtgcaatct actggaaatg1140  
50 tagcacttac gtaaaacatt tgtttcccc acagttttaa taagaacaga tcaggaattc1200  
taaataaatt tcccagttaa agattattgt gacttactg tatataaaca tatttttata1260  
ctttattgaa aggggacacc tgtacattct tccatcatca ctgtaaaagac aaataaatga1320  
ttatattcac aaaaaaaaaa aaacaccgg gggggggccc gggcccca 1368

## 55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 7:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 424 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 7

```

gaatgccctt tggggggccag gggcccctgg gagccccgcc accctttccc acttggccgg 60
ggtgcccgcg gccgccaccc ctgcacgcat ggcaggctgg cccccccca gagccctccc120
cacagccagc agcctttcca cagtcactgc ccttcccgcg gtcccagcc ttccctacgg180
cctcaccgcg accccctcag agcccagggc tgcaaccctt cattatccac cagcacaga240
tggtacagct ggggctgaac aaccacatgt ggaaccagag aggggtcccag gcgcccagg300
acaagacgca ggaggcagaa tgaccgcttg tccttgcttg accagctggg gaacaacct360
ggaccgaggc atcggccagg acccatagag caccgggttt ttccctgtgc ctttttgaa420
attg                                     424

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 8:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1020 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:8

```

5  caagtaaatg cagcactagt ggggtgggatt gaggctatgc cctgggtgcat aaatagagac 60
   tcagctgtgc tggcacactc agcggctctg gaccgcatcc tagccgccga ctacacaaag 120
   gcaggtgggt gaggaaatcc agagttgcca tggagaaaat tccagtgtca gcattcttgc 180
   tccttgtggc cctctcctac actctggcca gagataccac agtcaaacct ggagccaaaa 240
   aggacacaaa ggactctcga cccaaactgc ccagaccct ctccagaggt tggggtgacc 300
   aactcatctg gactcagaca tatgaagaag ctctatataa atccaagaca agcaacaaac 360
   ccttgatgat tattcatcac ttggatgagt gccacacag tcaagcttta aagaaagtgt 420
10  ttgctgaaaa taaagaaatc cagaaattgg cagagcagtt tgtcctcctc aatctggttt 480
   atgaaacaac tgacaaacac ctttctcctg atggccagta tgtcccaggt attatgtttg 540
   ttgacccatc tctgacagtt agagccgata tcaactggaag atattcaaac cgtctctatg 600
   cttacgaacc tgcagataca gctctgttgc ttgacaacat gaagaaagct ctcaagttgc 660
   tgaagactga attgtaaaga aaaaaaatct ccaagccctt ctgtctgtca ggccttgaga 720
15  cttgaaacca gaagaagtgt gagaagactg gctagtgtgg aagcatagtg aacacactga 780
   ttagggttatg gtttaattgtt acaacaacta ttttttaaga aaaacaagtt ttagaaattt 840
   ggtttcaagt gtacatgtgt gaaaacaata ttgtatacta ccatagttag ccatgatttt 900
   ctaaaaaaaa aaataaatgt tttgggggtg ttctgttttc tccaaaaaaaa aaaaaaaaaa 960
   aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaattgcc cccaagggga cgggttacaa ttggggggcg1020
20

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 9:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 718 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 9

```

45  tgaaaaagta aactacattt cctagcgtgc ccgtgtcttg cttccggctg acgtgtcttt 60
   caggaagagg agctggtgag aagacagcga aatggcgccct ccggcccccgc gcccggcctc120
   cggcggctcc ggggaggtag acgagctggt cgacgtaaag aacgccttct acatcggcag180
   ctaccagcag tgcataaacg aggcgcacgg gtgaagctgt caagcccaga gagagacgtg240
   gagagggacg tcttcctgta tagagcgtac ctggcgcaga ggaagttcgg tgtggtcctg300
50  gatgagatca agccctcctc ggcccctgag ctccaggccg tgcgcatggt tgcgtactac360
   ctgccccacg agagtcggag ggacagcatc gtggccgagc tggaccgaga gatgagcagg420
   agcgtggacg tgaccaaacac cacttcctg ctcatggccg cctccatcta tctccacgac480
   cagaacccgg atgccgccct gcgtgcgctg caccaggggg acagcctgga gtgcacagcc540
   atgacagtgc agatcctgct gaagctggac cgcttgagc tcgcccggaa ggagctgaag600
55  agaatgcagg acctggacga ggaatgccac ctaaccagc tcaaggtott ggtaagcttg660
   caacgggtgt aaaagctcaa ggatccttct gatttcaggg attggtaaaa ttgttcca 718

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 10:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1202 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 10

```

25 gcaggaccgt cattgacgcc atgagcgcgc tgcgtgcggt gctgcgcacg ggtgccccag 60
   ccgctgcgtg cctgcggttg gggaccagt cagggaccgg gtcgcgccgt gctatggccc 120
   tgtaccacac tgaggagcgc ggccagccct gctcgcagaa ttaccgcctc ttctttaaga 180
   atgtaactgg tcaactacatt tccccctttc atgatattcc tctgaagggtg aactctaaag 240
   aggaaaatgg cattcctatg aagaaagcac gaaatgatga atatgagaat ctgtttaata 300
30 tgattgtaga aatacctcgg tggacaaatg ctaaaatgga gattgccacc aaggagccaa 360
   tgaatcccat taaacaatat gtaaaggatg gaaagctacg ctatgtggcg aatatcttcc 420
   cttacaaggg ttatatatgg aattatggta cctccctca gacttgggaa gatcccatg 480
   aaaaagataa gagcacgaac tgctttggag ataatgatcc tattgatgtt tgcgaaatag 540
   gctcaaagat tctttcttgt ggagaagtta ttcatgtgaa gatccttgga attttggctc 600
35 ttattgatga aggtgaaaca gattggaaat taattgctat caatgcgaat gatcctgaag 660
   cctcaaagtt tcatgatatt gatgatgtta agaagttcaa accgggttac ctggaagcta 720
   ctcttaattg gtttagatta tataaggtac cagatggaaa accagaaaac cagtttgctt 780
   ttaattggaga attcaaaaac aaggcttttg ctcttgaagt tattaatcc actcatcaat 840
   gttggaaagc attgcttatg aagaagtgtg atggaggagc tataaattgc acaaactgc 900
40 agatatctga tagccctttc cgttgcactc aagaggaagc aagatcatta gttgaatcgg 960
   tatcatcttc accaaataaa gaaagtaatg aagaagagca agtgtggcac ttcttggcal1020
   agtgattgaa acatctgaaa ttctgctgtc aagattccca tctctaagga ctccaagtgc1080
   tagagacaag ggggtctatg agcatttact gacttcctgt taaaacttca ttttttcaaa1140
   ctttttgagc tatgcaatat ataaataaac agtaagaatt ttaaattaaa aaaaaaaaaa1200
45 aa                                     1202

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 11:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1610 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:11

15

20

25

30

35

40

```

ggagccggga ctcgcgggcg gcgggogggg gcgtcgctgc gcggtcgcc ggtgaggccg 60
cgcatgggg cgagtgcagc tcttcgagat cagcctgagc cacggccgcg tcgtctacag 120
ccccggggag ccgttggtcg ggaccgtgcg cgtgcgcctg ggggcaccgc tgccgttcg 180
agccatcccg gtgacctgca taggttcctg cggggtctcc aacaaggcta atgacacagc 240
gtgggtagtg gaggagggtt acttcaacag ttccctgtcg ctggcagaca aggggagcct 300
gcccgctgga gagcacagct tccccctcca gttcctgctt cctgccactg caccacgctc 360
ctttgagggt cctttcgga agatcggtgca ccagggtgagg gccgccatcc acacgccacg 420
gttttccaag gatcacaagt gcagcctcgt gttctatata ttgagcccct tgaacctgaa 480
cagcatccca gacattgagc aacccaacgt ggctctgccc accaagaagt tctcctacaa 540
gtcgggtgaag acgggcagcg tggctcctcac agccagcact gatctccgcg gctatgtggt 600
ggggcaggca ctgcagctgc atgccgacgt tgagaaccag tcaggcaagg acaccagccc 660
tgtgtgggcc agtctgtgc agaaagtgtc ctataaggcc aagcgtgga tccacgacgt 720
acggaccatt gcgaggtg aggggtgcgg cgtcaaggcc tggcgcggg cgagtgga 780
cgagcagatc ctggtgcctg ccttgcccca gtccgcccgt ccgggctgca gcctcatcca 840
catcgactac tacttacagg tctctctgaa ggcgccgga gctactgtga ccctcccggt 900
cttcattggc aatattgctg tgaaccatgc ccagtgagc ccccgccag gcctggggct 960
gcctcctggg gccccacccc tgggtggtgcc ttccgcacca cccaggagg aggtgaggc 1020
tgaggctgcg gctggcgccc ccaacttctt ggaccccgtc ttcctctcca ccaagagcca 1080
ttcgacggc gagccctgc tggccacctt gattctgtg cctggtgcgc cggagccctg 1140
ccctcaggat ggcagccctg cctcacaccc gtgcacccct ccctgtgca tttcaacagg 1200
tgccactgtc ccctactttg cagagggtc cggggggcca gtgcccacta ccagcacctt 1260
gattcttctt ccagagtaca gttcttgggg ctaccctat gagggccac cgtcttatga 1320
gcagagctgc ggcggcgctg aacccagcct gacccctgag agctgacccc gtgctgcctt 1380
ctccaggcag gcctggcctc tgccctggga ctggggcgcc cagggcctcg tgccttctct 1440
cttggcctag cctggcccac tcaggacctg cccagcctct gccagctcct ctgcacccgc 1500
cctcttctcc ctggggctgg ggtgggggtg gcaggagct gggacctgga gagacaactc 1560
ctgtaaataa aacactttat ttgtagaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1610

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 12:

45

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2155 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

50

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

55

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:12

```

cagcgaagga tgaggcgggg tttcgccgtg gcgcgcgatgc gtgcagcaaa gaatggagga 60
gtcggaaaccc gaacggaagc gggctcgcac cgacgaggtg cctgccggag gaagccgctc 120
cgaggcggaa gatgaggacg acgaggacta cgtgccctat gtgccgttac ggcagcgccg 180
15 gcagctactg ctccagaagc tgctgcagcg aagacgcaag ggagctgcgg aggaagagca 240
gcaggacagc ggtagtgaac cccggggaga tgaggacgac atcccgtag gccctcagtc 300
caacgtcagc ctcttgatc agcaccagca ccttaaagag aaggctgaag cgcgcaaaga 360
gtctgccaaag gagaagcagc tgaaggaaga agagaagatc ctggagagtg ttgccgaggg 420
ccgagcattg atgtcagtga aggagatggc taagggcatt acgtatgatg accccatcaa 480
20 aaccagctgg actccacccc gttatgttct gagcatgtct gaagagcgac atgagcgctg 540
gcggaagaaa taccacatcc tgggtggagg agacggtatc ccaccacca tcaagagctt 600
caaggaaatg aagtttcctg cagccatcct gagaggcctg aagaagaaag gcattcacca 660
cccaacaccc attcagatcc agggcatccc caccattcta tctggccgtg acatgatagg 720
catcgctttc acgggttcag gcaagacact ggtgttcacg ttgcccgta tcatgttctg 780
25 cctggaacaa gagaagaggt tacccttctc aaagcgcgag gggccctatg gactcatcat 840
ctgccctcgc cgggagctgg cccggcagac ccatggcatc ctggagtact actgccgcct 900
gctgcaggag gacagctcac cactcctcgc ctgcgcctc tgcatgtggg gcattgtccg 960
gaaagagcag atggagacca tccgacacgg tgtacacatg atggtggcca ccccgggcg1020
cctcatggat ttgctgcaga agaagatggc cagcctagac atctgtcgt acctggccct1080
30 ggacgaggct gaccgcatga tcgacatggg cttcgagggt gacatccgta ccatcttctc1140
ctacttcaag ggccagcgac agaccctgct cttcagtgcc accatgccga agaagattca1200
gaactttgct aagagtggcc ttgtaaagcc tgtgaccatc aatgtggggc gcgctggggc1260
tgccagcctg gatgtcatcc aggaggtaga atatgtgaag gaggaggcca agatggtgta1320
cctgctcgag tgctgcaga agacaccccc gcctgtactc atctttgcag agaagaaggc1380
35 agacgtggac gccatccaag agtacctgct gctcaagggg gttgaggccg tagccatcca1440
tgggggcaaa gaccaggagg aacggactaa ggccatcgag gcattccggg agggcaagaa1500
ggatgtccta gtagccacag acgttgctc caagggcctg gacttccctg ccatccagca1560
cgtcatcaat tatgacatgc cagaggagat tgagaactat gtacaccgga ttggccgcac1620
cgggcgctcg ggaaacacag gcacgcgcac taccttcac aacaaagcgt gtgatgagtc1680
40 agtgctgatg gacctaagc cgctgctgct agaagccaag cagaaggtgc cgcccgtgct1740
gcagggtgctg cattgcgggg atgagtcctt gctggacatt ggaggagagc gcggtgtgct1800
cttctcgggg ggctgggtc atcgatcac tgactgccc aaactcgagg ctatgcagac1860
caagcaggtc agcaacatcg gtcgcaagga ctacctggcc cacagctcca tggacttctg1920
agccgacagt cttcccttct ctccaagagg cctcagtccc caagactgcc accagtctac1980
45 acatacagca gcccctgga cagaatcagc atttcagctc agctggcctg gaatgggcca2040
ggctggtcct ggctgctgt tccctgtgct cttcagaatt actgtttttg tttcctttta2100
ccccagctgc cattaaagcc caaacctcta gcccaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaa 2155

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 13:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1743 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 13

```

15 cctgggaggc cctgcgtca ggttgcaagt tcaacttttag ctctgggcac ctccagctcc 60
   tgctcgccgg acggtctcca gggagagcag acgcgccaga cgcgccaccc tcggggcgcc 120
   gacggtcacg gagcatgggg tcggcctttg agcgggtagt ccggagagtg gtccaggagc 180
   tggaccatgg tggggagttc atccctgtga ccagcctgca gagctccact ggcttccagc 240
   cctactgcct ggtggttagg aagccctcaa gctcatggtt ctggaaaccc cgttataagt 300
20 gtgtcaacct gtctatcaag gacatcctgg agccggatgc cgcggaacca gacgtgcagc 360
   gtggcaggag cttccacttc tacgatgcca tggatgggca gatacagggc agcgtggagc 420
   tggcagcccc aggacaggca aagatcgagc gcggggccgc ggtgtctgac agctccagca 480
   cctcaatgaa tgtgtactcg ctgagtgtgg accctaacac ctggcagact ctgctccatg 540
   agaggcacct gcgcagacca gaacacaaag tcctgcagca gctgcgcagc gcggggacaa 600
25 cgtgtacgtg gtgactgagg tgctgcagac acagaaggag gtggaagtca cgcgcaccca 660
   caagcgggag ggctcgggac ggttttcctt gcccgagacc acgtgcttgc agggtagagg 720
   ccagggccat ctgagccaga agaagacggt caccatcccc tcaggcagca ccctcgcat 780
   ccgggtggcc cagctgggta ttgactctga cttggacgtc cttctcttcc cggataagaa 840
   gcagaggacc ttccagccac ccgcgacagg ccacaagcgt tccacgagcg aaggcgctg 900
30 gccacagctg cctctgggcc tctccatgat gaggtgcctc cacaacttcc tgacagatgg 960
   ggtccctgcg gagggggcgt tcaactgaaga cttccagggc ctacgggcag aggtggagac 1020
   catctccaag gaactggagc ttttgacagc agagctgtgc cagctgctgc tggagggcct 1080
   ggagggggtg ctgcgggacc agctggcctt gcgagcctt gaggagcgcc tggagcaggg 1140
   ccagagcctt ggccgggtg agccctgga cgggccagca ggtgctgtcc tggagtgcct 1200
35 ggtgtgtgct tccggaatgc tgggtccgga actcgctatc cctgttgtct acctgctggg 1260
   ggcactgacc atgctgagtg aaacgcagca caagctgctg gcggaggcgc tggagtgcga 1320
   gaccctgttg ggccgctcg agctggtggg cagcctcttg gagcagagtg ccccgaggca 1380
   ggagcgcaga ccatgtccct gcccccgagg ctctgggga acagctgggg cgaaggagca 1440
   ccggcctggg tcttgctgga cgagtgtggc ctagagctgg gggaggacac tccccacgtg 1500
40 tgctgggagc cgcaggccca gggccgcatg tgtgactct acgcctccct ggcactgcta 1560
   tcaggactga gccaggagcc ccactagcct gtgccgggac atggcctggc agctctccag 1620
   cagggcagag tgtttgcccc ccagctgcta gccctaggaa ggccaggagc ccagtagcca 1680
   tgtggccagt ctaccatggg gccaggaggt tggggaacaa caataaaggt ggcatacgaa 1740
   gga

```

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 14:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 970 Basenpaare

50

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

55

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:14

```

cggctcgagt gggtttttag tttgttcctt ctttttgaag tcccttcatt tcaatccttg 60
actctctctc cccttccctt gccagctct gttgaatgct gctgtgcgcg tgtgagggcc120
gctctgcaca cagggccctt gggttgtgtg aactgaaatt ctccctgtat ttgtgagact180
cgcaggagtc cccatctgta gcacaggcaa tgccagtgcc atgctgcagc ctcaaaaacc240
aggcctctca ctccagcagc aggcagaacc gtgtctgtgg tcgggtgctg tccacagctc300
tgtctgcctt gttcttgggc ttgagctgga tagaggtggg gtctcttcac cttccctgaa360
ttcagaacag accctgtgcc tggccccagt gtgccaggc aattccccag gccctcattg420
ggagcccttg gtgttctgag cagcagggcc caggcagcac atgagcagtg cccaggggct480
ccctgcgtga ggacggcaag gtgcgatgta tgtctaactt attgatggca ggcagcccc540
tgtgccccct aagcctggcc ctgggtattg ctgagctctg tgctcagtgc tgcggcctgg600
ccgtggctcg tctgttcctt tggggggccc gggcggttg tgggaatcag tcttcacaga660
cagacgtgag ccaggcgag gactcgttcc ttgcagaggt cagtcctcac ctgcaggtgt720
cgggggtggg gggggcaagg aggggcaggc acacaccatg tctgacctga acccgattct780
ggggagcatc ttcccgtcc ggccccacga cctccacagg gttacattgt aatataatg840
ccccagctaa cctgtctgat ggtggcatct tcctgcagac atttcaaaaca tgtaactttt900
atatgaaaaa aaataaacac agatgaaagc tgcccaatgc caaaaaaaaaa aaaaaaaaaa960
aaaaaaaaaa                                     970

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 15:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2003 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:15

```

gagagatctg aaataacctt tccagtgagg cagggttgcc aggggttgagg ggacagcaca 60

```

```

taccaccccc acccaacctg ttcgaggggc cctgcatggc acgggatgag tccctgccct 120
gtgcagctgc ctggcagtgg ctgggacaag gatcttgag ccagcacaga ggcctcttca 180
aaggcctctc cctcttgga ctccaggcaa ggcaggtgcc cgcttcccca acacctccag 240
gcagtgaccc tagggcatgc cccagcaggt ctccgagcag ccactgggac ccgtctcagc 300
5 acatcctggc ctttgaaagt ctgatatact gagaggagg cagggttttag ggccgcagtt 360
ccagccagcg tccccagcct ggcttccctg ccatggactc agtagctcgt ggggcttctt 420
accacccacc agccccgctg ggggtgcggc tggctgtggg caaaggagga ctgacctgga 480
gatttgagag aagattcctt ctaccagggc tgctgagggg ccaggcctgc atcaggggct 540
aggtcttgge tgggcccga ggctgagact aaggctttcg accctgggtg ctcctatgtg 600
10 atgctgcctc agacaaaggc agtgagcctt ccctgccaaa gtgccatcc catgggctcg 660
gcctcactgg tcaactgttag cccatgaaca cgtgtgggac tcggtcacgt ggctttgagg 720
gcagtctgac caggctagac cacacgtgcc gtgacagggg gtgccattcc cctcgcaggc 780
tctaattgtc ccacatgtag cctggcagtc caaagaccaa gaatcaactt gcaaatactg 840
cattaaactg ctgtgcgact tcaggcatat cactgccttc tctgggcttc agtgtccttt 900
15 tcatacctag aagtctgcgg tctgaggctc tttgggttca gacacactgt tctaggcttc 960
tgttagggag ctgtgatct gccgtgcccc tcctcctgt tcttttctgt cctccccacc1020
ccacctcag aagctgcttg ctctgcccc aggacaggag ctgacggat gaagtgcagc1080
cagccaccca ggtgccattt ccagtctgac ttccagaaat gtgcaccatg tcctagagca1140
cagacccatt ggctggagcc tcctgggagg gttcaaacca tcagctctat gagaaatgcc1200
20 cagaaaggct ttgccgactc catccgtctg tggaggctgc ctgcctccgg ggtgggatgg1260
gtgggtttctc ctccaattca gacccaagag gtaccccccg agggcatgta cctgggtggg1320
agcagctcag gtacccttgg gggttgcagg gcccttacgc aggtatttct ctctctctcc1380
tctctggggg gcgtgtgtgc gtgcgcgtgt gcgtgcctat gcttttctct gtgggcacat1440
caggatgccc ctccgagagc atgtgcacgt gtcccccact gagcgagcgt gtgtgtgtgc1500
25 tcctctgcgt cccagggtttg gacgtctagg gtttgggtgt cctgtcttct gccctccctg1560
agccacagg gtcagtcaat gtatcttcta cgtgcctctc cctctgcctt ctctcacagt1620
gcccccggt ccagagctca ggggtagggg ttctcctgag ggtgcagggg atccttctca1680
tctcctggac cctccagggc actctgggtc ctattcccca gctcctaggc agctgagccg1740
gggtcccttag gggaggtgac caggagcttt ggtgcaggga gctcttggtg gggcaaaggg1800
30 ctggacccct gccaggtctg tggacatggt tatatgcccg ggagaggggg gtgcagggcc1860
ccagggatgg cccccaatcc cacctctgtt tattctgtaa actgcaacct ataaataacc1920
tttagcattc ctattgtaac aaaattaatt tttatgaaat aaattatatt tcctagtcta1980
ataaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaa 2003

```

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 16:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2279 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

40 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

45 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

55 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:16

gattgaatta agcccttggg tttgccccac tgcagcttca agcggaagg aaggaaccag 60  
 ttggaccagt ggtcacagac ccaagcaaaa ggcgaccgca atcagcagct ggggtctcacc 120  
 cctttcctct gaaccagtga cccaaacctt tcacctcoga ttgggcaacc ttggcctggg 180  
 5 gcatgtttat caccactgaa gtgacttgca gctatcaaag accagttaga ggggtgtgcag 240  
 caagcacttt ctgaggctgc ccccatocca gaagaggaca cagacactga agaaggatgat 300  
 gactttgaac tacttgacca gtcagagctg gatcaaattg agagtgaatt gggacttaca 360  
 caagaccagg aagcagaagc acagcaaaat aagaagtctt caggtttctt ttcaaatctg 420  
 ctggggaggcc attaatctag gaatcagctt gcaacagagc acaaaaaaca ccaaaaaaat 480  
 10 ttcaaacaaa aaaaaaagaa aaaaaaagaa aagaaaaaaa ttgaactgta agctttaatg 540  
 attacttttag atttgtttta ttttccctcc tgcagtgaat taattggata tatatcagct 600  
 gacactgata gattgatatt tctgatcgtt atttttgtgt aataagcatg gaaatgaact 660  
 ttatacacac cactgtgttg tcagagataa atattagggg ttgtttttta agcaaaaaga 720  
 aaaaaacaaa aaccaaaacta ttaaaatcct cctataaata ttctttttct ttacagtttt 780  
 15 tcaagcatgc aaaacagttt attgtaaact actgaaaaat attaacaatt aattgtgaat 840  
 acatgctggt accagcttcc ttattcctaa tacctggaaa attttttttt caacggatag 900  
 attttgatgt aaaaaagacc gaaattatca aggtatctta gttgaaggac ttgggaaata 960  
 ctatcaaaat taattttctta ggaaaaaatt taaaagtata ttaagtact ctggatagac 1020  
 tgaacggtt ccagtgtatt tctgcagttg tagacttagg cttatttgta aagaagcatg 1080  
 20 ctccattgac tgccatctct agtcttgagc tgggtgggtat taacccatag aaagcaagca 1140  
 gttgtgtatc acatagacaa tggttatgat gtaaacagat tcagttgttt tgttgttcatt 1200  
 tcgtcatatg tttgtgatag ggatgttggg agcacagctc tattctgcct gctcagactt 1260  
 aagtttagacc cttatctttt atattatgtc atgaaaaaag tctcctaaaa ttgtgaaact 1320  
 agttcttgat gagtgtatgt atcatcagca ataaagatat aataactctg tttcttagc 1380  
 25 ctgtatagag gagaggaact tgcttggctt taaaatatat ttatttgcca ttaagtata 1440  
 aatatgaaat ctgtttctta ttgggaagat agaatatata tattttctt taaacttttt 1500  
 aaggtcactt ttaaataacc aaatttgatt tatgggtttt aacaaaggac taaagagctg 1560  
 aaaccaacct agttttgttt ttgtgatata aactttaagt gtcgagggac catgccagca 1620  
 actaccaaaa atctcttaaa tcttcaggta cagctggcat tttggcagat gcatagagac 1680  
 30 atctgagacc ctcaaaaagg aaggataatc caagaatata ggaaatctgt gttctcttcc 1740  
 tttcatttta tcccttatat ttctaaagac taattataag taatctgaca ttttaatgta 1800  
 gctactctta tttatttttt ctttctgagg tattaataa tctggactga gttttgccaa 1860  
 atgttaaagg gagaagagtt actgaagact ttgaacactt gctttttgtg attgcttatg 1920  
 tcattagtgc ctcatgactg tgtttgatgt cctttattga tacaagtga gcctgtgcct 1980  
 35 tcattatctt gccattttta atacaaatgg aaacctggtg tttgaaaatc tctgaactgt 2040  
 gtgggttttg gaggaatata cctgaatttt attcaataac agtttctgga caggaagaaa 2100  
 aatacagtta catatttata aaatagtcgt tatcagtatt tttttatgtg tatgtttctt 2160  
 tctttaaaac aatattcttg gatataaagt agaaaagttt aaaggtcatt tccatttctt 2220  
 cactaaggag aaaaaaagtt aaataatcca agtaattaaa gatataagtc actagatga 2279  
 40

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 17:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 45 (A) LÄNGE: 761 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

### (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

### (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- 55 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:17

10 aaatcttagg gtaagccagc tgccttgga gcccaccagg gctccagact gcagggaga 60  
agccgggagc aggcagccat acctccactc ttgtccctcaa ggactcagct gtgtggcctt120  
ggatttcttt ttgcgggact tgcgccctgc aggacactgg tgttgagtt ggagggtcct180  
atcctgccca ggggtgactc ccagggttgc agggggatag ggtggagaag ggtgctgtag240  
cccttgccag cgtgaagtcc tttctgctct cttagcctat tacattagga gtagcttacc300  
tttgggtgcc aacgggtccag gatcccccta aaatgggatg gggataattc aggaatcagc360  
ctgggttggc acaggggagg tattccttgg agaggcagga ctcacacaca cccatccaga420  
tcagtgtagc ttctccctta ggaagcctct aggacatccc ccatgttaga gtccacatca480  
15 gcaaagctgc tctgcccttg gctactttca cttgggctac ctgccttggg ctacttccac540  
tagctgcaac cctgggagcg atgggagggg aggggtgtga cctcaggaa cagtgtggtc600  
cttgagggtg ctagacagac cctgagcatc accaccccag ttattgtgac cccacgtttc660  
caccatcag cctcctgggg tctctgcctg tgtgaacagt agggcccaac ctggaaccag720  
atggtacggc catgccggtc ctgcaggag ctcatgcctg g 761

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 18:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1403 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

40 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:18

45 ggtggctttg cctgggtgct gggcctgcgt tctctggctg cttgctgcct gtgtgcgttc 60  
cttggtggct ttggttctg cactccttgg togtcaccgc tcaggtcctc cattcacacg 120  
aggctcctct cgctctggcc gctcttgcct ctctgtctg aagaaatcag actgatttcc 180  
tcttaagact cctagggatg tgggtgaagag ctgggactca agtgagctc acgggtgtgaa 240  
acatgaggga ggtgaggtgt ccgtccactt ccccatataa ggtgtgcatt tcagttaggc 300  
50 tgccccgcca cagagcaggc ttcatctgct ctgccatcca gcccctctg gatgtgaggt 360  
gggggtggaga catcatgggg tgattgcaga aagggggagt ggcgggccac gcagcttctg 420  
ctgaggagct gaccgctctg agctgttctg tttcgtattg ctgctctgtg tctgcatgta 480  
ttgtgaccgt gcggctccac ctcttccagc tgcgtctaca gctgaggcct ggatcccggc 540  
ctttccctgt gacttacgtg tctgtcaccg gcaggcagcc ctacaaatcc tgggtgacctg 600  
55 ctctcccaag aacagagcct gtccccagat gtcccagtag cgatgagtaa cagaggtggc 660  
tgtggacttc ctctacttct ccttgctgga tcagggcctt cctgcctccc gctgggcagg 720

```

tctggccttg ctctcttggc agggccccag cccctctgac cactctgcag ctcacatgc 780
agctgatgcc aaagtgtgtg tgtccagtgt gcagcagccc tgggagccac tgccaccttc 840
agaggggttc cttgctgaga cccacattgc ttcacctggc cccaccatgg ctgcttgcc 900
ggcccaacct agcgttctgt gccatgctag agcttgagct gttgctcttc ttcaggggag 960
5 gaaatagggt ggagagcggg aagggtcttg ctcctaagtg ttgctgctgt ggcttttttg 1020
ccttctccaa agacgcactg ccaggctcca agcttcagac tgctgtgctt agtaagcaag 1080
tgagaagcct ggggtttgga gccacacct tctctggcag catcagcatc ctactcctgg 1140
caacatcagg ccaacgtcca cccagcctc acattgccag atgttggcag aagggtctaat 1200
attgaccgtc ttgactggct ggagccttca aagccactgg gatgtcctcc aggcacctgg 1260
10 gtcccatgac cagctccccg tctccatagg ggtaggcatt tcactggttt atgaagctcg 1320
agtttcatta aatatgttaa gaatcaaaac tgtctttgtt caggctgcta taacaaaaat 1380
ataatagcct ggggtgctta aac                                     1403

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 19:

15

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1702 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

30

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 19

```

gggcccgcacc ggagtgtcgg tggatgatgg catcccagac gtgcggcgcg aggtgcactc 60
gtacctgact gacactctgc actcgtcat ctccgagctg agcccgcagg agaaggagga 120
40 ctcggtcatc gtggtgctga tcgccgagac tgactcacag tacacttcgg cagtgcaga 180
gaacatcaag gccttggttc ccacggagat ccattctggg ctccctggagg tcatctcacc 240
ctccccccac ttctacctg acttctcccg cctccgagag tcccttgggg accccaagga 300
gagagtccagg tggaggacca aacagaacct cgattactgc ttccctcatga tgtacgcgca 360
gtccaaaggc atctactacg tgcagctgga ggatgacatc gtggccaagc ccaactacct 420
45 gagcaccatg aagaactttg cactgcagca gccttcagag gactggatga tcctggagtt 480
ctcccagctg ggcttcattg gtaagatgtt caagtcgctg gacctgagcc tgattgtaga 540
gttcattctc atgttctacc gggacaagcc catcgactgg ctccctggacc atattctgtg 600
ggtgaaagtc tgcaaccccg agaaggatgc gaagactgtg accggcagaa agccaacctg 660
cggatccgct tcaaacctgc cctcttccag cacgtgggca ctactcctc gctggctggc 720
50 aagatccaga aactgaagga caaagacttt ggaaagcagg cgctgcggaa ggagcatgtg 780
aacccgccag cagaggtgag cagcagcctg aagacatacc agcacttcac cctggagaaa 840
gcctacctgc gcgaggactt cttctgggccc ttcaccctg ccgcggggga cttcatccgc 900
ttccgcttct tccaacctct aagactggag cggttcttct tccgcagtgg gaacatcgag 960
caccgggagg acaagctctt caacagctct gtggaggtgc tgcccttcga caaccctcag 1020
55 tcagacaagg aggcctgca ggagggccgc accgccacc tccggtaccc tcggagcccc 1080
gacggctacc tccagatcgg ctcttctac aaggagtggt cagagggaga ggtggaccca 1140
gccttcggcc ctctggaagc actgcgcctc tcgatccaga cgactcccc tgtgtgggtg 1200

```

attctgagcg agatcttctt gaaaaaggcc gactaagctg cgggcttctg aggggtacct1260  
 gtggccagcc ctgaagccca catttctggg ggtgtcgtca ctgccgtccc cggagggccal320  
 gatacggccc cgcccaaagg gttctgcctg gcgtcgggt tgggccggcc tggggtccgc1380  
 cgctggcccg gaggccttag gagctgtgtc tgcccccgcc cgccgggccc cggaggagc1440  
 5 agggcgcccc cacactgtgc ctgaggcccc gaaccgttcg caccgccct gccccagtca1500  
 ggccgtttta gaagagcttt tacttggcg cccgccgtct ctggcgcgaa cactggaatg1560  
 catatactac tttatgtgct gtgtttttta ttcttgata catttgattt tttcacgtaa1620  
 gtccacatat acttctataa gagcgtgact tgtaataaag ggtaaatgaa gaaaaaaaaa1680  
 aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aa 1702

10

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 20:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 802 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

30

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 20

tttttttttt ttttttttca ttttcaaaag ggcttttatt aaattctccc cacacgatgg 60  
 ctcttgcaat ctgccacagc tctggggcgt gtctgttagg gaaaggccct gttttccctg120  
 aggcggggct gggtctgtcc atgggtccgc ggactggccg tgcttggcgc cctggcgtgt180  
 gtctagctgc ttcttgcccg gcacagagct gcggggtctg ggggcaccgg gagctaagag240  
 caggctctgg tgacggggtg gaggcctgtc tcttaacoga caccctgagg tgctcctgag300  
 40 atgctgggtc caccctgagt ggacgggga gcagctgtgg ccggtgctcc ttcctaggcc360  
 agtcctgggg aaactaagct cgggcccttc tttgcaaaga ccgaggatgg ggtgggtgtg420  
 ggggactcat ggggaatggc ctgaggagct acgtgtgaag agggcgccgg tttgttggct480  
 gcagcgccct ggagcgccct tctcctgagc ctacgtttcc ctttccgtct aatgaagaac540  
 atgcgctctc ggtgtctcag ggctattagg acttgccctc aggaagtggc cttggacgag600  
 45 cgtcatgtta ttttcacaac tgcctgcga cgttggcctg ggcacgtcat ggaatggccc660  
 atgtccctct gctgcgtgga cgtcgcggtc gggagtgcgc agccagaggc ggggccagac720  
 gtgcgcctgg ggtgagggg aggcgccccg ggaggccctc acaggaagtt gggctcccgc780  
 accaccaggc agggcgggct cc 802

50

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 21:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1647 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 21

```

acccttctc tttcttttc cttttttctt tttctttttt gggtaagggt gacaccccat 60
ttattggaga agaccccagc acccgcccc tgaggcttta agggcttttg tgtatccttg 120
20 gtcacgagcg ctgggccagg aagcagagtt cctgagagcc aagtctagt gttgagagag 180
gacctgggt gggcctgggg agcaggaagc catctgtcca gctgggcagc ccccatgggt 240
ccctggtgca gcccggcca tgtgtccagc gcccatact ccatgagggg ggtctgcacc 300
ccatcacacg ctggttctgc aggtctgcac cctgtgagg ctgcccttg ggggcatggg 360
ttctgttggg ctcttgctcc cagcatggat gaccagcga tagcagtca tgatgcgctt 420
25 gttgggtgca tgggggccac agcgggtgca gtacacgatg cccagtcaa gcaggaccac 480
caaaaagaca cacgttgga ccaggagtgc caccagcagc caccggtcat ccctctggct 540
gtgctcggca agaccagcct ccccagggc tggtaggggt gctgtgggag ctggtgaggg 600
cagccacagg gccaacttg gactggggcc atcttccctt gggatttggg gggctttgga 660
atggggatgt gtagggtga tgggtgaggt ctggttagtg gggctctgag agggcaggag 720
30 ggtggggagg ctgctgggtc aggcacagag attgatggg caggagacac 780
aggggacctg gagtggttg ttagagaggg ctgggcagtt gggataatgg gaagotgggt 840
ggcctgggtt ctgaggaca gggcatctgg ggcttgaggg ggtcgctggg caccgaggg 900
ggtgaccaga ggggcatggt taggtgggat tccaggcaaa tgagtgggtg tctgggtgcc 960
agcgacccgg gtgtctgga acatggggga ctggtgggca gggaagagct ccgatattt1020
35 ggttgagatc atagggggct ggtgggcagg aggtgtgct gaatgagaga cagagagaat1080
accgggttg taggcagaag gcagatctgg atagtggct gcgatcacgg ggatctggtg1140
gtcacgggac aaagctgggt gtgtggcagg gatcacagga ggctggtggg cagaaggcag1200
tgtgggatgc gtggcagaga ccaccacagg ccgggtgacg gagagcactg aggagtggta1260
ggggaccctg ggggactga gcgggggtgg ccagggtggc tccgggtagg gtatctgtgg1320
40 ctctctgtcc tctgggaagc tcggtctata ggccagggca aagtcaggcg gctgcgtagg1380
ctccatccac aggatccag gcctctcgt ccagccaccg ttgaagcctt ccaggcctcg1440
tcttcatctt cctcatctc cccgtcatcc agcaactcat ctccgaggtc ctgggaaccc1500
tgggcaccca tggccctgc agggctgcag ctgatgccat cagcctccag ctcagtcccc1560
tcgtacaat aacactcgaa gccaccaacg tagttgacac acatctgctg gcacacaccg1620
45 gcaatctggc actcatctgt gtccaca 1647

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 22:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

50 (A) LÄNGE: 1170 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

55 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 22

```

15 cctcgctggc agaagagata gaatcagggc tgccccccaca gagtgggacc caaggggcta 60
   attggaggca cgaggggacc cctcccagg gccttttctt cctctgcgtc ttccatctac 120
   tgaaatggga gagggggtgg ggagcttctg ttctggtgaa gggaccggg caggcccca 180
   gcaccccatg ctgacttgga gaacccaga tctctggggc ccagccaggc aggggtgtgg 240
   ggcagctgtg ccaatctacc tcacaggccc acccctgcc gggcatgcc tgggatcatg 300
20 ggcagggaag gctctggggg tcggagacac cgctgcttag cacccccagc cagaacaccc 360
   tgagggtctc ggggctctgg agagagtggg gcgggaggaa gaattggcac cttcctaggg 420
   aaggagacga gcgcttcgcc ttgattctcc gagaagcctc cgagaagtgc ttttaagtgtg 480
   tttgcattgc ccagcggtg ggcagcgggg gcctgtccag ccctctcccg ccatccttcc 540
   ccaagtgaag tccactgcct tgtcaccage gacctgcctg tcatgcccac cccctgagga 600
25 agcatgggga ccctaacacc ctggtgccct gcaccagaca ggccgtggtc agggccaggc 660
   caccggcogg gttctgccac agcttcccac gtgcttgctg acatgcgtgt gcctgtgtgt 720
   ggtgtctgtt gctgtgtcgt gaaactgtga ccatcactca gtccaaacaa gtgagtggcc 780
   ctcgaggcca cagtattgca actttcagtg tgtgtcataa cgacgtcact gcttttttaa 840
   ctcgataact ctttatttta gtaaaatgcc caggagtctt ggaagctacg cggacttgca 900
30 gaggttttat tttttggcct tagaatctgc agaaattagg aggcaccgag cccagcgag 960
   cagcctcgga cccggattgc gtttgccctt gcggatatgt ttatacagat gaatataaaa1020
   tgtttttttc tttgggcttt ttgcttcttt ttccccccc ttctcacctt ccttctccc1080
   cgaccccacc ccccaaaaaa gctacttctt cattccgtgg tacgattatt ttttttaact1140
   aaaggaagat aaaattctat attcttaaaa 1170

```

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 23:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1259 Basenpaare

40

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

55

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

## (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:23

```

5  ggagtatcca gataggcgac acgccggcgg gcggctgagg cgggaatggc tgctgtactg 60
   cagcgcgtcg agcggctgtc caatcgagtc gtgcgtgtgt tgggctgtaa cccgggtccc 120
   atgacctcc  aaggcaccaa cacctaccta gtggggaccg gccccaggag aatcctcatt 180
   gacactggag aaccagcaat tccagaatac atcagctgtt taaagcaggc tctaactgaa 240
   tttaacacag caatccagga aattgtagtg actcactggc accgagatca ttctggaggc 300
10 ataggagata tttgtaaaag catcaataat gacactacct attgcattaa aaaactccca 360
   cggaatcctc agagagaaga aattatagga aatggagagc aacaatatgt ttatctgaaa 420
   gatggagatg tgattaagac tgaggagagc actctaagag ttctatatac ccctggccac 480
   actgatgac acatggctct actcttagaa gaggaaaatg ctatcttttc tggagattgc 540
   atcctagggg aaggacaacac ggtatttgaa gacctctatg attatatgaa ctctttaaaa 600
15 gagtatttga aaatcaaagc tgatattata tatccaggac atggccagat aattcataat 660
   gctgaagcta aaattcaaca atacatttct cacagaaata ttcgagagca gcaaattctt 720
   acattatttc gtgagaactt tgagaaatca ttacagtaa tggagcttgt aaaaattatt 780
   tacaagaata ctctgagaa tttacatgaa atggctaaac ataactctct acttcatttg 840
   aaaaaactag aaaaagaagg aaaaatattt agcaacacag atcctgacaa gaaatggaaa 900
20 gctcatcttt agtttcagat taaagaaagc tttgttttat tttgctttga gagaatggta 960
   gtgtttctta actataggtt attttataga gaatataaaa gtataaaaaca ttaaaaaataa1020
   ccctagatat actttaaaat aatgttatat ttatgctaaa atatgtaaat tacactatac1080
   aaccatatga taggttattt ctctaaccct gtcttctaac gttttaccaa aaattcataa1140
   tctaatagtt tatcagtttt caatagatta aataaaatga ttactttaaa aataataaaa1200
25 tttatctaata ttaaagttga aaaaattttt ggccgtagt tatctattac tagtgatca 1259

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 24:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 30 (A) LÄNGE: 1021 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 40 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

45

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 24

```

50 gcgttctctc tccggccctc ggtaaccgcc agcacgcgcc tgcttcccggt ctgcgcgagt 60
   ccacgcagct ccccgagccc ttcaccagca cagcagcagc aggcattggca gcaagcgtgg 120
   agcagcgcga gggcaccatc caggtgcagg gccaggccct cttcttccga gaggccctgc 180
   ccggcagtg gacagctcgc ttctctgtac tgctgctgca tggatttcgc ttctcctccg 240
55 agacctggca gaacctgggt aactgcaca ggctggccca ggctggctac cgggctgtgg 300
   ccattgacct gccaggctcg gggcactcca aggaagcagc agcccctgcc cctattgggg 360
   agctggcccc tggcagcttc ctggcggtcg tgggtgatgc cttggagctg ggccccccgg 420

```

```

ttgtgatcag tccatcactg agtggcatgt actccctgcc ctccctcacg gcccctggct 480
cccagctccc gggctttgtg ccagtggccc ccatctgcac tgacaaaatc aatgctgcca 540
actatgccag tgtgaagact ccagctctga ttgtatatgg agaccaggac cccatgggtc 600
agaccagctt tgagcacctg aagcagctgc ccaaccaccg ggtgctgac atgaagggg 660
5 cggggcacc cgtgttacctg gacaaaccag aggagtggca tacagggtc ctggacttcc 720
tgcaggggct ccagtgaagc ccagcactgc tgcagggggt gggctgcctg cctgctctga 780
gctctctctt gcacgctctc tcttctctcc caggctctgg ctcatgcaca tgcaacaggt 840
gcgtctgtct atatgtctgg gttcttctct tttgtggtct gtttgtcttt totacctctt 900
tctcttgca tgatagactg agggggtaaa atcaagagga aaaaactctc aggaatcaag 960
10 gaacataatc ctgtggaggg taaaccatta catgaggctt ctcccgggtc gttcaagttt1020
c 1021

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 25:

## 15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1407 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

20

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

30

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## 35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 25

```

agcaaaggtt gccggagacc aagatcgga gcgtagaata cgaaggcatc gagttcattt 60
aactgaaaac cggctcaagg agcaaggcca tcaggactca gcttttataa aaacaagagg 120
agtgcacttt tgttttgttt tgttcttttt ggaactgtgc ctgggttga ggtctggaca 180
40 gggagcccag tcccgggcc catagtggta cgggcaactg acccccgggc cccacggagg 240
ccgcggtctg aactgctttc catgctgcca tctgggtggtg atttcggtca cttcaggcat 300
tgactcaagg cctgcctaac tggctgggtc gtttcttcca tccgacctcg tttcttttct 360
ttcctatgtt cttttgttca gtgaatatcc ctagagctcc taccatatgt caggccctat 420
gcctcaccct gagaacgcag tgggcatgag gtggacctgt ttgctgggaa ccccagggtca 480
45 cccccttttc ttctactct gtgcctggag catcatgtcc acccctgcag atccttgga 540
aagaaaatgt ttatgttgca gggattgca tggtcacgag tgagggcagg cccctgggga 600
cacactctgc cacagtgca caggccaggg cgcaggcaca tctgttggtt ctcaggcctc 660
agataaaacc atctccgcat catatggcca gtgaccgctt tctcccttca agaaaattct 720
gtggctgtgc agtactttga agttttaatt attaacctgc tttaattaaa gcagtttctt 780
50 ttcttataaa gtggaatcac caaatcttat cacacagagc acagtcctgt agttaccag 840
cccgtccag cagtgcggga gattgtaagg aagcgggtgc ggctggtgaa gcaagtctca 900
catgtcggcg ttcttgcca atggatacaa agataaagaa aatgttgctt ttttctagga 960
actgtcagaa atcctcatgc ctttcaagac ttctgtgaat gacttgaatt ttttattccc1020
tgccctagggt ctgtgaacga ggcctgtctc ttccctgggg tttctttcca tggcctttat1080
55 ttctcctctt ccagtgggag ttttgaggc tcttctctgt ggaaacttca cgagcgttggt1140
ctgggcctcg gcttcgctgg agtgtactcc aggggtgaagg cagagtggga tttgagacct1200
aggttaggca cgaccaggc tgagaaggga cgtttccatc attcacagtgc ccctccccac1260

```

agcactacct cagcccgagc cccaccctca ctccctacccc acccccgcat cgtcaggggt1320  
gccacgggtg gccggagggt gccccgtcgg ggcttggtcc tgttgccggt ccctgaaaaa1380  
gcttttccc ttttgaaatt caagcac 1407

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 26:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 286 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
10 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

15 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 25 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 26

ctctcggctc cgcctggcag cagctccgcc gccagaggc gtccgagacc ctccgactcg 60  
30 tgggtacgca taggcctcgc cagcgagcct tgcccaggca acgagtcgcc agcccgcccc120  
ctcgccgcgg gctaggtctc acctcgccac cagtacgtct tggacaagta gtgccaggct180  
tgatgccggg tgtggtgagt gccgccgga cccagggtgc ccgcctcgat gaggtcccgg240  
cgtcgctccg gctgcagcac cactccagc tccgcgaagg tcttgc 286

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 27:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 815 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
40 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

45 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 27

5  
 cgccctcgttt gcaactgggtg ctggacagcc gacgcaacta caaatggggc ggagtttcgg 60  
 cactggagca gctaatttgc atataggaat gagctccac aaacacgaga agttccagca120  
 agttcgccac ttccggttct cctggctatc caatagcatc gagtggagca tccccggaag180  
 tgaggcagcg gaggacgacc tttttccggt tccggcctgg cgagagtttg tgcggcgaca240  
 10 tgaactgct taccacaat ctgctgagct cgcagtgtcg gggggtggg tcccggtgct300  
 tccccctgcg cctccaggcc accgaggtcc gtatctgccc tgttgaattc aaccccaact360  
 tcgtggcgcg tatgatacct aaagtggagt ggtcggcggt cctggaggcg gccgataact420  
 tgcgtctgat ccagggtcgg aaagggccgg ttgagggata tgaggagaat gaggagtttc480  
 tgaggacct gaccacctg ctgctggagg tggaaagtgt agagggcacc ctgcagtgcc540  
 15 cggaatctgg acgtatgttc cccatcagcc gcgggatccc caacatgctg ctgagtgaag600  
 aggaaactga gagttgattg tgccaggcgc cagtttttct tgttatgact gtgtattttt660  
 gttgatctat accctgtttc cgaattctgc cgtgtgtatc cccaaccctt gacccaatga720  
 caccaaacac agtgtttttg agtcgggtat tatatatatt tttctcatta aaggttttaa780  
 acccaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaagt cgacg 815

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 28:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 548 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 28

45 tttctcgaac cttctctttt cttctctttt tgcactgtgc aaatatattg actttatttg 60  
 tctcctttca ggagcctcac agacatatcc aggtaaaaag atcggttaaat aaatgccttc120  
 agccatcgca atgcaaaaat aaatatcaat cctccagacg cagtagcagc cgcgctgcgc180  
 ccaaagtccc aacggccacg cctaacaatt ataaaagtgt tcagcgagag tgttggcgtg240  
 agtgtgaatg ggtgtgcgct ggggggcacg gtggagcggt gtgcaaaatc ggagttgcaa300  
 50 accatcggac aagggcctgg agtggctacc cgccgccgac tcagcgcggg cgcgccctccc360  
 cgcacacact cacagcagag ttgcactgg gaagagttaa aaaataaaca ttacaagga420  
 cgaggaaagc ggccccgctc ccggcgctcc cgggccaggg cgagcgcggc gaggggcgca480  
 ccgaccggtt cgcagcgggg cgggagtcgg aagcgcgcca ggagcgggcg gtcccgggtc540  
 cttgcggg 548

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 29:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 493 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 29

```

gcaagatggc tgcctgaca gcggagattt tgcagcactc cagagcctgc tcaaggcctc 60
ctcgaaagat gttgtcagac agctgtgtca agaaagcttt tccagttcag cccttggtt120
gaaaaaactc ttggatgta catgttccag cttgtctgtg acccaggagg aggcagagg180
actgtccag gctctgcacc gcctcactag gctgggtggca ttccgtgacc tgtcctctgc240
cgaggcaatt ctggctctct ttccagaaaa ttccaccaaa aacctcaaaa acctgctgac300
aaagatcatc ctagaacatg tgtctacttg gagaaccgaa gccaggcaa atcagatctc360
tctgccacgc ctggtcgatc tggactggag agtggatc aaaacctcct cagacagcat420
cagccgcatg gccgttgccc cacctggcct gggtccagat ggaaggttcc aaggaggttc480
ccaggctatg ggg                                     493

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 30:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1063 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

## (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 30

```

5  cgctccccc tccaactctc aacecacttc tccagccagc gccccagccc tcccgcgcgc 60
   cgctcgagc tcccagaggc cgcagactgt gtccctgaca atgggaacag ccgacagtga 120
   tgagatggcc ccggaggccc cacagcacac ccacatcgat gtgcacatcc accaggagtc 180
   tggcctggcc aagctcctgc tcacctgctg ctctgcgctg cgcccccggg ccaccagggc 240
   caggggcagc agccggctgc tgggtggcctc gtgggtgatg cagatcgctg tggggatctt 300
10  gagtgcagtc ctaggaggat ttttctacat ccgcgactac accctcctcg tcacctcggg 360
   agctgccatc tggacagggg ctgtggctgt gctggctgga gctgctgcct tcatttacga 420
   gaaacggggt ggtacatact gggccctgct gaggactctg ctagecgtgg cagctttctc 480
   cacagccatc gctgcctcca aactttggaa tgaagatttc cgatatggct actcttatta 540
   caacagtgcc tggcgcatct ccagctcgag tgactggaac actccagccc ccactcagag 600
15  tccagaagaa gtcagaaggc tacacctatg tacctccttc atggacatgc tgaaggcctt 660
   gttcagaacc cttcaggcca tgctcttggg tgtctggatt ctgctgcttc tggcatctct 720
   ggcccctctg tggctgtact gctggagaat gttccaacc aaagggaata gagaccagaa 780
   ggaaatgttg gaagtgaagt gaatctagcc atgcctctcc tgattattag tgcctggtgc 840
   ttctgcaccg ggcgtccctg catctgactg ctggaagaag aaccagactg aggaaaagag 900
20  gctcttcaac agcccagtt atcctggccc catgaccgtg gccacagccc tgctccagca 960
   gcacttgccc attccttaca ccccttcccc atcctgctcc gcttcatgtc ccctcctgag 1020
   tagtcatgtg ataataaact ctcattgtat tgttcccaa aaa 1063

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 31:

25

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 472 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

30

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

40

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 31

```

50  cggtcgcagg cggcgcgatg ggcgcggggc tggcgcggct cctgttgctc ctccggctct 60
   cgcccgccgg gcccgcccg gcaggtgcag cgaagatgaa ggtggtggag gagcccaacg 120
   cgtttggggt gaacaacccg ttcttgcttc aggccagtcg cctccaggcc aagagggatc 180
   cttcaccctg gtctggaccc gtgcattctt tccgactctc gggcaagtgc ttcagcctgg 240
   tggagtccac gtacaagtat gagttctgcc cgttccaaa cgtgaccagc cagcagcaga 300
   ccttcgctg gaacgcctac agtgggatcc tcggcatctg gcacgagtgg gagatcgcca 360
   acaacacctt cacgggcatg tggatgaggg acggtgacga ctgccgttcc cggagccggc 420
55  agagcaagggt ggagctggcg tgtgcgagcc cgagcaactg cgtctaagggt gt 472

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 32:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2568 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 32

```

25 catctctctg cagtgcctc ctgcctgtg cagcccgcc acccacaggc tcaccctcc 60
   tgcgggtgc cagaagccc ctccagcagg gcctctctcc gtggcccag cttcactctc 120
   tccctcagca catgccctgc tggaggcccc agccctccgt ggacagcagg ggccacgtgg 180
   agcccgggcc gctcaccgc gaccagtgct tggccgcctt cttgtgtcca aaccctctc 240
   cccacccag agactgggca gctgtgtctg gttcgttctt tgcactaacc acatttgtca 300
30 tctctagggc aggctggggc tgcgggtga gggggaccgc tggcaccccc cttccctccc 360
   ttcttggttc catttccatc catgacaggt acagcatccc aggagcccgg cctgaggggc 420
   tggaccgcag ccggctgtga acatccctca gcccctgctg tcccccttg ggactaacca 480
   ctaacctcac ccccaaactc cacgggtgcc cctagctggc ccagagccgg cagtgtgagc 540
   ccaagtccgg gctggagccg agggccggagc agctgtctgg gagtcaaggc tgcagtagcg 600
35 tttcttcatt ggggtgtcca ggggggtcca cagaccgaca ggagcccaa gggcctggac 660
   accctccccc aggcagggtc tgccccagga ggactgtcct cgggaatgaa cctcccgcgg 720
   gctttggact gaggtccctg tggcctcggt ctctccccc tgaagtggga gcgaggtccc 780
   ccaatgggtc ttttgctttt agtgtacgat gtttgctgtg cttcccgccg tggagggcag 840
   agccacccca catcaggatc ggacgtgcta cccctcccg tcccggccct ggcccagcca 900
40 gcccagccct cgaggctcga tgcctgtgcc aaggccaggg gcagccagag ggcagctgga 960
   tggccacgtg caggggtcaa ggctggggcc tgcagtgggg cgggcccgca gcccagcag1020
   tttacagacg catggctctt cctcccagag cagccggcag ctacctggac cggaaatgtc1080
   ctcacccct ccctggggcc aggtctgtcc ctggccttcc tctgtgaacc cctcctttct1140
   ttgtgctggt gtctgggacc aaaaaggggg aatatgggag ggcagagtgg ggaggggagt1200
45 ccatgggcct ggggcccaca gccgggcgt ctgagctccc caggcatgac caaacctcag1260
   tggaggggcc tctgcttcag gcccgcctg gctgacattc tgagccccc tcggaggccc1320
   cgccacagcc aacctgccc gtctttcctc tgggcttgac ccgccaggga gttctccagg1380
   cctagggcca ggagagaggc cctggcacc tggcgtgggt gcccgccaaa cgccctgcga1440
   ccgctcagaa gcacaaatgc tgtccatggc cgtgaggctg cctgccagg gaatggacat1500
50 agcgtgagag gcggtgaggc cagggtctcc agcctcgtgc tgtctcggga ctcctgaccg1560
   tgggtgtcgt gtgtgccct ctgtgacttt ctactacca aggttgaaga aaggaaacgg1620
   ggaaaatcaa aagggttca aaccacact cagttagtg agggagcgc ctgccattgg1680
   ttgtattttt gttctgagtt ttcgggtgcc tgttcctaac tactccatcc catgacctcg1740
   ccacacctac tggggcatct ggctgggtgcc tgetgccatg gccagcccc actctcacc1800
55 tgcacagggg gtcttgagc ccccaggccc acagcctcgt tgggaggaca ggggtggcct1860
   ggggacaaga gggaggagcc cagggtctta cctcactgag agtgctccc agcaggcatc1920
   cactacccca gggccccca catgtcatgg caaggttggt agtgaatgg cctggttggg1980
   agcagcccct ggcccattgc ccaccaccc atctcactat gcaattcgag ttccaagcaa2040

```

catttgetcc tgccctgggg ccagctctgc ccagccctg agaggggtgg tgaggcagcc2100  
 ccctggaccc cagaaccca gacaagggg caggcgggg accagggcct ctctgtggg2160  
 atctttgttt tgtgtttaac cataatggtt gtgtactgaa ccacttcata tttgttatat2220  
 ataatatata tatatataat ctcttaaga ctacagctcc tggtttacc ccccgccctg2280  
 5 ggcactctgac ctccccacc ccagtgtgat ttaacatcca ggaactgagg cctgaaccat2340  
 tttgcatttc cccctctcc agcctctgta gggccatggc tgtatgtact gtcgtgtgt2400  
 ttttttgttt ttttagaact gggtttggg gctgattttt atttctttgg gggcttttt2460  
 tcttgcaaa tactaaaaat ctctcaatg taatttctgt ggtttctatt cagcttgggt2520  
 ttcattgtttt aaaataaatt ttaaaaagca aaaaaaaaa aaaaaaaa 2568

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 33:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 239 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 33

cgcgatggcg gcggggctgg cgcggctcct gttgctcctc gggctctcgg ccggcgggcc 60  
 cgcgccggca ggtgcagcga agatgaaggt ggtggaggag cccaacgcgt ttgggtgagc120  
 agcctcgcgg gctggcggtt cgagcggggg acggccggg cccgttcccc gctgaccttg180  
 ccgcttcccc taggtggaac aaccggttct tgcctcaggc cagtcgcctc caggccaag 239

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 34:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 482 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

5 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 34

```

10 ctccaagctt ggccctggcca acaactcggt ggcagaatga tcacctccgt tgtttcaggt 60
   actctgtgtt tatttatgca acagttcatg taaaatggag acgaggccag aagaatcctt120
   gagcagacag agccagttgg gcctcctaag tgaccttaac cttgcttgat ttgcaagcat180
   gtctgaaact ttatttgggt tatttcttgg aaatgcctat gttaaagaaa cacagaactt240
   aagctcaacc aatcagaagc agccaacaaa aacgtaatta gtaactagga cttcctcatg300
15 ggatagacca aataaggcaa ctgtataact gtgtaactgt ataactgtaa ccaatgaaat360
   attatctttg cttttatcta tttgtcctaa aaagcctcct cctcatgttc tctctgggga420
   gctccctagc cacttctgga tcaactgctca aataaactct taaatatattt aaaaaaaaaa480
   aa
                                     482

```

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 35:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 641 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 25 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

40 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 35

```

45 gagagcagta ggtgtagca gcttggtcgc gacaggggcg ctaggtagag cgccgggacc 60
   tgtgacaggg ctggtagcag cgcagaggaa aggcggttt tagccaggta tttcagtgtc120
   tgtagacaag atggaatcat ctccatttaa tagacggcaa tggacctcac tatcattgag180
   ggtaacagcc aaagaacttt ctcttggtcaa caagaacaag tcatcggcta ttgtggaaat240
   attctccaag taccagaaag cagctgaaga aacaaacatg gagaagaaga gaagtaacac300
   cgaaaatctc tcccagcact ttagaaaggg gaccctgact gtgttaaaga agaagtggga360
50 gaaccaggg ctgggagcag agtctcacac agactctcta cggaacagca gcaactgagat420
   taggcacaga gcagaccatc ctctgctga agtgacaagc cacgtgctt ctggagccaa480
   agctgaccaa gaagaacaaa tccaccccag atctagactc aggtcacctc ctgaagccct540
   cgttcagggt cgatatcccc acatcaagga cggtaggat cttaaagacc actcaacaga600
   aagtaaaaa atggaaaatt gtctaggaga atccaggcat g
                                     641

```

55

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 36:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 381 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 36

```

aagttgatga cctacgctct tacttctgct tgccaggagt aactgaaagc aaacaccaca 60
gtctgttggt tattagcttt taaaggcttg tcaacattcc ttgttaacaa tttctttttg120
ggtagccttt tataaaatgc gtaggtgatg agtgatccag cagacaaggc ggctcgagcc180
gattcggtct gagcggctcg aggtaaaaga aaaaaaatg tggaggaaaa catggcctac240
tcagctttga tggaagtggc tggttactgc ttaatagaga gaatgctttg gaatcctatg300
ttgaaaataa aaagtgtttg gttgtgcagt tatgcggtca tggtcattcc cagacagttg360
gctaagggtt agtggtcctc t                                     381
  
```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 37:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1539 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 37

```

5  ctggggacag gaagcccctg taccattatg gtcggggcat gaatcccgt gacaaaccag 60
   cctgggcccg agaggtaaaa gagagaacaa ggatgaacaa gcagcagaac tctcccttgg 120
   ccaagagcaa gccaggcagc acggggcctg agccccccag ccccaggcc tcccagggc 180
   ccccaggcct cccctgggccc cccaaacctt accacaaatt catggccttc aagtcctttg 240
   ccgacctccc ccaccgccct ctgctggtcg acctgacagt agaggagggg cagcggtcca 300
   aggtcatcta tggctccagt gctggcttcc atgctgtgga tgtcgactcg gggaacagct 360
10  atgacatcta catccctgtg cacatccaga gccagatcac gcccctatgcc atcatcttcc 420
   tcccacacac cgacggcatg gagatgctgc tgtgctacga ggacgagggg gtctacgtca 480
   acacgtacgg gcgcattcatt aaggatgtgg tgtgcagtg gggggagatg cctacttctg 540
   tggcctacat ctgctccaac cagataatgg gctgggggtga gaaagccatt gagatccgct 600
   ctgtggagac gggccacctc gacgggggtct tcatgcacaa acgagctcag aggctcaagt 660
15  tctgtgtgta gcggaatgac aagggtgttt ttgcctcagt ccgctctggg ggccagagcc 720
   aagtttactt catgactctg aaccgtaact gcatcatgaa ctggtgacgg ggccctgggc 780
   tggggctgtc ccacactgga ccagctctc cccctgcagc caggcttccc gggccgcccc 840
   tctttcccct ccttgggctt ttgcttttac tggtttgatt tctactggagc ctgctgggaa 900
   cgtgacctct gacctctgat gctttcgtga tcacgtgacc atcctcttcc ccaacatgtc 960
20  ctcttcccaa aactgtgcct gtccccagct tctggggagg gacacagctt ccccttccca1020
   ggaattgagt gggcctagcc cctccccctt tttctccatt tgagaggaga gtgcttgggg1080
   cttgaacccc ttaccccact gctgctgact gggcagggcc ctggaccctt ttatttgcac1140
   gtcaggggag ccggtctccc ccttgaatgt accagaccct ggggggggtc actgggccct1200
   agatttttgg ggggtcacca gccactccag gggcagggac catttcttca ttttctgaaa1260
25  gcactttaat gattccccctg ccccaaaact ccagggaatg gaggggggag cccgccagcc1320
   aaaacatgcc ccccattccg gaccccctc tcctcttcta gccatgccc ttcccgggtg1380
   gagggaggga gcaggagacc ctcaactctc acgccccttg cttgcatccg catatagtgt1440
   gagcagcaag taacccttct cctccttccc cagtcacccc tcctcaatgt agtggccttg1500
   aattgtcttt attaacaaac aggatatcca aggtcgagc 1539
30

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 38:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 35 (A) LÄNGE: 2195 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- 45 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 50 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 38

```

55  gctccgagga aggctgtggt gagtctcgga gacgtgtctg tctgtgaggc gctgggtgca 60
   cgtccccagg gctctgggct aggaaggcag cggcgagggt cctccccacg taccctcgc 120
   gggccagacc gagcaacgtg gggcgaaggc ggcggcgaag gcccgggctg ggagcgttg 180

```

5 cggccggagt cccagccatg gcgaggtctg tggagcgccct gcagcagcgg gtccaggagc 240  
 tggagcgggg acttgcccag gagaggagtc tgcagggtccc gaggagcggc gacggagggg 300  
 gggccgggt cgcgcatcgag aagatgagct cagagggtgg ggattcgaat ccctacagcc 360  
 gcttgatggc attgaaaacga atgggaattg taagcgacta tgagaaaaatc cgtacctttg 420  
 ccgtagcaat agtaggtgtt ggtggagtag gtagtgtgac tgcagaaatg ctgacaagat 480  
 gtggcattgg taagttgcta ctctttgatt atgacaaggt ggaactagcc aatatgaata 540  
 gacttttctt ccaacctcat caagcaggat taagtaaaat tcaagcagca gaacatactc 600  
 tgaggaacat taatcctgat gttctttttg aagtacacaa ctataatata accacagtgg 660  
 aaaactttca acatttcatg gatagaataa gtaatggtgg gttagaagaa ggaaaacctg 720  
 10 ttgatctagt tcttagctgt gtggacaatt ttgaagctcg aatgacaata aatacagctt 780  
 tgaatgaact tggacaaaaca tggatggaat ctggggtcag tgaaaatgca gtttcagggc 840  
 atatacagct tataattcct ggagaatctg cttgttttgc gtgtgctcca ccactttag 900  
 ttgctgcaaa tattgatgaa aagactctga aacgagaagg tgtttgtgca gccagtcttc 960  
 ctaccactat ggggtgtggt gctgggatct tagtacaaaa cgtgttaaag tttctgttaa1020  
 15 attttggtac tgtagtttt taccttggt acaatgcaat gcaggatttt tttcctacta1080  
 tgtccatgaa gccaaatcct cagtgtgatg acagaaattg caggaagcag caggaggaat1140  
 ataagaaaaa ggtagcagca ctgcctaaac aagaggttat acaagaagag gaagagataa1200  
 tccatgaaga taatgaatgg ggtattgagc tggatctga ggtttcagaa gaggaactga1260  
 aaaatttttc aggtccagtt ccagacttac ctgaaggaat tacagtggca tacacaattc1320  
 20 caaaaaagca agaagattct gtcactgagt taacagtgga agattctggt gaaagcttgg1380  
 aagacctcat ggccaaaatg aagaatatgt agataatgga ctgggatata ttgtatttct1440  
 catgttaaag cctcttcctt tgaaattaaa aaaaaatttt aactgataaa acttagggca1500  
 acattaatta atgtatatct ttacctgaat tgttatactt tttgaaaatc ctgtgacttg1560  
 cctgttttct cccgctccaa cgaaatcatt aactctccta aaatgtgttt cattctagta1620  
 25 agaaaacctc aaaggatatt gtaggatata aatcttactt gaaaacatag ctgttgaaat1680  
 gttttggcct tttggagtgg gggaaggaca aatctgatcc tgtaatcttt ttctttccag1740  
 taatcccttg tgtctgttgc atgaggacat ggacaataaa gtagtatatg atcctcagat1800  
 acaggagaaa ggacaaggca tacagcttat tgattagagc tggcaagcat ctgctcattal860  
 tgtttggaat tgctttctat aagaaaattg cccactacta ctaactgat caacaatgaa1920  
 30 ttcaaaatag ttaacctatg aaataacatc ctctcaaatg tttgctgatg aagtacaagt1980  
 tgaaatgtag ttattggaaa agtctgtaac ctgtggatca tatatatcca aagtgaagaca2040  
 aaggcaataa aaaagcagct attttcatga atagaaaaaa aaaaaatttc aggaagtata2100  
 aatttatatt tgcaccgaac aaggaacaga aattattgca tctgtggaag catatatctg2160  
 ggagttacta ttactttact ggaagggccca agggc 2195

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 39:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1409 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 39

```

5  gtttgcgtgc cttttttaa ggattccaag ccatgtgaaa ttcccttctg gatgtgattc 60
   tgggtcgcaa gtccttattt atatgtgagg ctggggaatg ggctgggggt attggcagtc 120
   cttttgcagg gcagtgtgtg tgggtgggggtg acaccgctgt ggcttagccc aagacactcc 180
   cagaggaaaa cactgcagaa ggaactgggt tgcagactgt ggaaggatct gcagttttgt 240
   ttttgaccaa aaaaataata ataagttagc tctgaagggc agagggaata cccaagcccc 300
   tgatgcctat gagaagtcctc tggacttcaa ccctcctggt gtttggcctt agcccagagg 360
   gagctgctca cctgagcacc cttgggggtg ggagagagg cagggtggga ttttagagtt 420
10 agtgtctgtg cgggggcagc cctgagcctg gagttagagc tttgggtct cttagtgttg 480
   aggtgttgag tgcatttgtg cccctgcctg gttgagagct tcttggtacc tcttgccacc 540
   ccttctcact gccctgaccc aacccactg gaccttgatg ctgcgaggag tgggtgcctg 600
   acggaactcag cactcccgcc tgatgtattg gatcatagga gagcacttgc tctcctgcct 660
   ctgccaggag agggcttggt cctccaactc taggaggcca ggcaagcatg gacaggagcc 720
15 aagggagcag ggtcattaac tttttcttct ttgcaaagtg ggcaacttggc atcaggggtcc 780
   caatcaccag aaagcaccaa agcccctggc accccaccca ctccatccta cccagggacc 840
   ccaagtaggc aactgttatg gcagtgggtc cagcccaggc cagcactgcc agcctcctct 900
   cctgcagta ggcaccagct ctacctcccc cggcaggcaa tgcctggct tctcagccca 960
   gcaccatctg ttcccctaga cttctcaggg gccagccag tctgggccac cctttgtttc1020
20 cctcatcttc ggctcccaca cagggtgacag acccagcaga tagcttctct ctgggaaagg1080
   ttggatgctg ccttacatcc ccttctagcc ctctcccat ccacacacac aggcaccac1140
   ccacaccagg tcggcttggt tctcacatgt agggagagag gggagaccaa cccctttgtg1200
   tcttttgaaa tacgaagaaa aatgtgtgtt caggagcatg actccagtgc tgcgctcttg1260
   ggctagtgc agtctgtctt gtctcaaata taggcatttt tgcttcaatt ttattttttt1320
25 taaaacattt ttttgggtgt cccgttggtt ttggaataat ttggctaaca ttggtaaaag1380
   gtaagggggt taaaatataa ggtaatttt 1409

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 40:

## 30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1084 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

45

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## 50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 40

```

   ggaatcttta agcaatcata cggggaaaaa gggcccatca ccttcaaagg agccacaatt 60
   agactcctca acagacatga ttgaggctgg aagataaggg aatggtatct tcttcaaagc 120
   cgaaagaata ggaccacacc tgccaggatt tgggtgttta aatataaatc tgatcacccc 180
50 cctgcttaga agcccttctgc tttctattac ccctcattta aaatgtaaac tcttcacctt 240
   ggtttatgag aactggttct tgccttcccc ttgaacctca ttaaatggtg atttcttgct 300
   aagctccagc ccgagtggct tcctctcagc ttctaatttt gtgctctttc ctgccctttt 360

```

```

cctgggcctt ctcagctctc cccccccacc actcttgact caggtgggtg ccttcttctt 420
caagtcttga caattcccgg gcccttcagt ccctgagcag tctacttctg tgtctgtcac 480
cacatcttgt cttttcccct cattgcattt attgcagttt atatatatgc tacttttact 540
tgttcatttc tgtctcccct accaggctgt aaatgagggc agaaaccttg ttgtttttat 600
5  tcaccatcat gtaccaagtg cttggcacat agtgggcctt cattaaatgt ttgttgaata 660
aaagagggaa gaaggcaagc caaccttagc tacaatccta ccttttgata aaatgttctt 720
tttgacaata tacacggatt attatttgta ctttggtttt ccatgtgttt tgctttttatc 780
cactggcatt tttagctcct tgaagacata tcatgtgtga gataacttcc ttcacatctc 840
ccatgggtccc tagcaaaatg ctaggcctgt agtagtcaag gtgctcaata aatatttgtt 900
10  tgggtgggtt gtgagccttg ctgccaagtc ctgcctttgg gtcgacatag tatggaagta 960
tttgagagag agaaccttcc cactcccact gccaggattt tgtattgcca tcgggtgccal020
aataaatgct catattttatt aaacaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa1080
aaaa                                             1084

```

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 41:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 20 (A) LÄNGE: 2860 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 35 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 41

```

tcctggctga ttcttttctt ggcagttccc cttatgaggg ttacaactat ggctcctttg 60
40  agaattgtttc tggatctacc gatggtctgg ttgacagcgc tggcactggg gacctctctg 120
acggttacca gggcgctccc tttgaaccgg taggtactcg gccccgagtg gactccatga 180
gctctgtgga ggaggatgac tacgacacat tgaccgacat cgattccgac aagaatgtca 240
ttcgcaccaa gcaatacctc tatgtggctg acctggcacg gaaggacaag cgtgttctgc 300
ggaaaaagta ccagatctac ttctggaaca ttgccaccat tgctgtcttc tatgcccttc 360
45  ctgtggtgca gctggtgatc acctaccaga cgggtggtgaa tgtcacaggg aatcaggaca 420
tctgtacta caacttcctc tgcgccacc cactgggcaa tctcagcgcc ttcaacaaca 480
tcctcagcaa cctgggttac atcctgctgg ggctgctttt cctgctcctc atcctgcaac 540
gggagatcaa ccacaaccgg gccctgctgc gcaatgacct ctgtgccctg gaatgtggga 600
tccccaaaca ctttgggctt ttctacgcca tgggcacagc cctgatgatg gaggggctgc 660
50  tcagtgtctg cgatcatgtg tgccccaaat ataccaattt ccagtttgac acatcgttca 720
tgtacatgat cgccggactc tgcatgctga agctctacca gaagcggcac ccggacatca 780
acgccagcgc ctacagtgcc tacgcctgcc tggccattgt catcttcttc tctgtgctgg 840
gctgtgtctt tggcaaaggg aacacggcgt tctggtcgt cttctccatc attcacatca 900
tgccaccct gctcctcagc acgcagctct attacatggg ccggtgga aa ctggactcgg 960
55  ggatcttccg ccgcatcctc cactgtgctc acacagactg catccggcag tgcagcgggc1020
cgctctacgt ggaccgcatg gtgctgctgg tcatgggcaa cgtcatcaac tggctcgtgg1080
ctgcctatgg gcttatcatg cgccccaatg atttcgcttc ctactgtgtg gccattggcal140

```

tctgcaacct gctcctttac ttcgccttct acatcatcat gaagctccgg agtggggaga1200  
 ggatcaagct catccccctg ctctgcatcg tttgcacctc cgtgggtctgg ggcttcgcgc1260  
 tcttcttctt cttccaggga ctcagcaact ggagaaaaac ccctgcagag tcgagggagc1320  
 acaacogggg ctgcatcctc ctcgacttct ttgacgacca cgacatctgg cacttcctct1380  
 5 cctccatcgc catgttcggg tccttcctgg tgttgctgac actggatgac gacctggata1440  
 ctgtgcagcg ggacaagatc tatgtcttct agcaggagct gggcccttcg cttcacctca1500  
 aggggcccctg agctcctttg tgtcatagac cggctactct gtcgtgctgt ggggatgagt1560  
 ccagcaccg ctgcccagca ctggatggca gcaggacagc caggtctagc ttaggcttgg1620  
 cctgggacag ccatgggggtg gcatggaacc ttgcagctgc cctctgccga ggagcaggcc1680  
 10 tgctccccctg ggacccccag atgttgcca aattgctgct ttcttctcag tgttggggcc1740  
 ttccatgggc cctgtcctt tggctctcca ttgtccctt tgcaagagga aggatggaag1800  
 ggacaccctc cccatttcat gccttgcat ttgcccgctc tcctcccaac aatgccccag1860  
 cctgggacct aaggcctctt tttctccca tactccact ccagggccta gtctggggcc1920  
 tgaatctctg tcctgtatca gggccccagt tctctttggg ctgtccctgg ctgccatcac1980  
 15 tgcccatttc agtcagccag gatggatggg ggtatgagat tttgggggtt ggccagctgg2040  
 tgccagactt ttggtgctaa ggccctgcaag gggcctgggg cagtgcgtat tctcttccct2100  
 ctgacctgtg ctcagggctg gctcttttagc aatgcgctca gcccaatttg agaaccgcct2160  
 tctgattcaa gaggtggaat tcagagggtca cctcttcatc ccactagctc ccagactgat2220  
 gccagcacca ggactggagg gagaagcgcc tcaccccttc ccttccttct ttccaggccc2280  
 20 ttagtcttgc caaaccacag ctggtggcct ttcagtgcga ttgacactgc ccaagaatgt2340  
 ccaggggcaa aggagggatg atacagagtt cagcccgctc tgccctcata gctgtgggca2400  
 cccagtgcc taccttagaa aggggcttca ggaagggatg tgctgtttcc ctctacgtgc2460  
 ccagtcctag cctgcctcta ggacccaggg ctggcttcta agtttccgct cagtcttcag2520  
 gcaagtctg tgttagtcat gcacacacat acctatgaaa ccttgagtt tacaagaat2580  
 25 tgccccagct ctgggcaccc tggccacct ggtccttga tcccttcgt cccacctggt2640  
 ccaccccaga tgctgaggat gggggagctc aggcggggcc tctgctttgg ggatgggaat2700  
 gtgtttttct cccaaacttg tttttatagc tctgcttgaa gggctgggag atgaggtggg2760  
 tctggatctt ttctcagagc gtctccatgc tatggttgca tttccgttt ctatgaatga2820  
 atttgcattc aataaacaac cagactcaga taaaaaaaaa 2860

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 42:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2137 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 42

gtccgctttc gtctccgtcc tgctgccgtt accgcgctg ctgccgcgc ttgcgtcccc 60  
 cgctccggct tgtggtgcag ccgggaccca ggaccatgtc tctgtctcgc tcagaggaga 120  
 tgcaccggct caccgaaaat gtctataaga ccatcatgga gcagttcaac cctagcctcc 180

```

ggaacttcat cgccatgggg aagaattacg agaaggcact ggcaggtgtg acgtatgcag 240
ccaaaggcta ctttgacgcc ctggtgaaga tgggggagct ggccagcgag agccagggt 300
ccaaagaact cggagacgtt ctcttccaga tggctgaagt ccacaggcag atccagaatc 360
agctggaaga aatgctgaag tcttttcaca acgagctgct tacgcagctg gagcagaagg 420
5 tggagctgga ctccaggtat ctgagtgtcg cgctgaagaa ataccagact gagcaaagga 480
gcaaaggcga cgccctggac aagtgtcagg ctgagctgaa gaagcttcgg aagaagagcc 540
agggcagcaa gaatcctcag aagtactcgg acaaggagct gcagtacatc gacgccatca 600
gcaacaagca gggcgagctg gagaattacg tgtccgacgg ctacaagacc gactgacag 660
aggagcgag ggcgttctgc ttctgtgtgg agaagcagtg cgccgtggcc aagaactccg 720
10 cggcctacca ctccaaggcg aaggagctgc tggcgagaa gctgcccgtg tggcaacagg 780
cctgtgccga ccccgagcaag atcccggagc gcgcggtgca gctcatgcag caggtggcca 840
gcaacggcgc caccctcccc agcgccctgt cggcctccaa gtccaacctg gtcatttccg 900
acccccattcc gggggccaag cccctgccgg tgccccccga gctggcaccg ttcgtggggc 960
ggatgtctgc ccaggagagc acacccatca tgaacggcgt cacaggcccg gatggcgagg 1020
15 actacagccc gtgggctgac cgcaaggctg cccagcccaa atccctgtct cctccgcagt 1080
ctcagagcaa gctcagcgac tcctactcca acacactccc cgtgcgcaag agcgtgaccc 1140
caaaaaacag ctatgccacc accgagaaca agactctgcc tcgctcgagc tccatggcag 1200
cggcctgga gcgcaatggc cgtatgcggg tgaaggccat cttctccac gctgctgggg 1260
acaacagcac cctcctgagc ttcaaggagg gtgacctcat taccctgctg gtgctgagg 1320
20 cccgcgatgg ctggcactac ggagagagtg agaagaccaa gatgcggggc tggtttccct 1380
tctcctacac ccgggtcttg gacagcgatg gcagtgcag gctgcacatg agcctgcagc 1440
aagggaagag cagcagcacg ggcaacctcc tggacaagga cgacctggcc atcccacccc 1500
ccgattacgg cgccgcctcc cgggccttcc ccgcccagac ggccagcgcc ttcaagcaga 1560
ggccctacag tgtggccgtg cccgccttct ccagggcct ggatgactat ggagcgcggt 1620
25 ccatgagcag cgccgatgtg gaagtggcca gattctgagc cgcctgacta gagttagaat 1680
ccctttgccc acgtccagct gaagccgaca gtgaccaacg acaggtctgc cccctcctc 1740
agctgatggc cacatctgca gtgctgccc tctggtggct tccccgccc tcccatgta 1800
gcctgttctg tcatcatctg tgcgttctct gttagagaac atccaggccc cggctgcctg 1860
gtcttgcccc acttgagtct ggctggact ggatcccagc tgttctaggc agggccgggc 1920
30 agagtggggc gcaggccct gaagggcgag acccagtggc tgggctgccc agggctgagg 1980
ggcgcctct tgagggtaca cgcctctggt cacatggcca tggagccttg ggtacccctg 2040
agttaaggga ggacatttg ccagctggtg gctgggaggg gagcctggct gccctgctgc 2100
ttctcctgcc taataaacag gcttctctg caaaaaa 2137

```

# 35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 43:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2410 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

40 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

45 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## 50 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## 55 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 43

```

ttgagcagac acaggtgcag gcagtgggtga ctctacaggc cctgctattc cgggccccttt 60
tgcaacgttg tggcaacaat aaaatttttga cgtagccatc ctccatttgg aagtctggtg 120
gctgggtttg cgtggaaatg accctgtttt tatttccaga attacctctg ggtttagaga 180
5 agtgggtttt aaacgagtggt gggtaaaaaa aattacctga ggtacttgct agagtcgcag 240
acttctaggt cccaccagc tctcatcaat cagtttagtg aggggtggtg ccaggactct 300
gatttttaac ataccctag aaagattctg atacaggtag aggtgagaag ccctgggtta 360
gaggcagctc ggcctccctt catggtggga ccagggccag cagggaatgt cagggccacc 420
cctgaccttc actgtgactt ctggcttgca gagggtggcc cgggaggaga tgggtgggagg 480
10 agctcaacag cgggaagtg atgtacgcct tctgcagagt gaaggacccc aactctggac 540
tgcccaaatt tgtcctcatc aactggacag gcgagggcgt gaacgatgtg cggaaggag 600
cctgtgccag ccacgtcagc accatggcca gcttccctgaa gggggcccat gtgaccatca 660
acgcacgggc cgaggaggat gtggagcctg agtgcacatc ggagaagtg gccaaggctt 720
caggtgccaa ctacagcttt cacaaggaga gtggccgctt ccaggacgtg ggaccccagg 780
15 cccagtggtg ctctgtgtac cagaagacca atgccgtgtc tgagattaaa agggtttgta 840
aagacagctt ctgggcaaaa gcagagaagg aggaggagaa ccgtcggctg gaggaaaagc 900
ggcgggcccga ggaggacag cggcagtga gcaggagcgc cgggagcgtg agtgcgtgag 960
gctgcacgccc gggagcagcg ctatcaggag cagggtggcg aggccagccc ccagaggacg1020
tgaggagcagc agcaagaagt ggtttcaagg aaccgaaatg agcaggagtc tgcctgcac1080
20 ccgagggaga ttttcaagca gaaggagagg gccatgtcca ccacctccat ctccagtcct1140
cagcctggca agctgaggag ccccttcctg cagaagcagc tcacccaacc agagaccac1200
tttggcagag agccagctgc tgccatctca agggccaggg cagatctccc tgctgaggag1260
ccggcgcccga gactcctcc atgtctggtg caggcagaag aggaggctgt gtatgaggaa1320
cctccagagc aggaacctt ctacgagcag cccccactgg tgcagcagca aggtgctggc1380
25 tctgagcaca ttgaccacca cattcagggc caggggctca gtgggcaagg gctctgtgcc1440
cgtgccctgt acgactacca ggcagccgac gacacagaga tctcctttga ccccgagaac1500
ctcatcacgg gcatcgaggt gatcgacgaa ggctggtggc gtggctatgg gccggatggc1560
cattttggca tgttcctgc caactacgtg gagctcattg agtgaggctg agggcacatc1620
ttgcccttcc cctctcagac atggcttcct tattgtgga agaggaggcc tgggagttga1680
30 cattcagcac tcttcagga ataggacccc cagtgaggat gaggcctcag ggctccctcc1740
ggcttggcag actcagcctg tcaccccaaa tgcagcaatg gcctggtgat tcccacacat1800
ccttctgca tcccccgacc ctcccagaca gcttggctct tgcccctgac aggatactga1860
gccaagccct gcctgtggcc aagccctgag tggccactgc caagctgcgg ggaagggtcc1920
tgagcagggg catctgggag gctctggtg ccttctgcat ttatttgct ttttctttt1980
35 tctcttgctt ctaagggtg gtggccacca ctgtttagaa tgacccttg gaacagtga2040
cgtagagaat tgtttttagc agagtgttg accaaagtca gagtggatca tgggtggtt2100
gcagcagggg atttgcctt ttggagcctg ctctgtgctc cccactccat ttctctgtcc2160
ctctgcctgg gctatgggaa gtggggatgc agatggccaa gctcccaccc tgggtattca2220
aaaacggcag acacaacatg ttctccacg cggctcactc gatgcctgca ggccccagt2280
40 tgtgcctcaa ctgattctga cttcaggaaa agtaacacag agtggcctt gcctgttgtc2340
ttccctatt ttctgtccca gctcatccgt gtctctgaag aacaaatag cttttggacc2400
aaaaaaaaa
2410

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 44:

45

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2333 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

50

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

55

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

5 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 44

```

10  tgaaaaatgc ggacagtata ttcagaaagg ctattccaag ctcaagatat ataattgtga 60
    actagaaaat gtagcagaat ttgagggcct gacagacttc tcagatacgt tcaagttgta 120
    ccgaggcaag tcggatgaaa atgaagatcc ttctgtggtt ggagagttaa agggctcctt 180
    tcggatctac cctctgccgg atgaccccag cgtgccagcc cctcccagac agtttcggga 240
    attacctgac agcgtcccac aggaatgcac ggtaggatt tacattgttc gaggttaga 300
    gctccagccc caggacaaca atggcctgtg tgacccttac ataaaaataa cactgggcaa 360
15  aaaagtcatt gaagaccgag atcactacat tccaacact ctcaaccag tctttggcag 420
    gatgtacgaa ctgagctgct acttacctca agaaaaagac ctgaaaattt ctgtctatga 480
    ttatgacacc tttaccggg atgaaaaagt aggagaaaca attattgatc tggaaaaccg 540
    attcctttcc cgctttgggt cccactgcgg cataccagag gagtactgtg tttctggagt 600
    caataccttg cgagatcaac tgagaccaac acagctgctt caaatgtcg ccagattcaa 660
20  aggtctccca caaccatcc tttccgaaga tgggagtaga atcagatatg gaggacgaga 720
    ctacagcttg gatgaatttg aagccaacaa aatcctgcac cagcacctcg gggcccctga 780
    agagcggctt gctcttcaca tctcaggac tcaggggctg gtccctgagc acgtggaaac 840
    aaggactttg cacagcacct tccagcccaa catttcccag ggaaaacttc agatgtgggt 900
    ggatgttttc cccaagagtt tggggccacc aggccctcct ttcaacatca caccocggaa 960
25  agccaagaaa tactacctgc gtgtgatcat ctggaacacc aaggacgtta tcttgagcga 1020
    gaaaagcatc acaggagagg aaatgagtga catctacgtc aaaggctgga ttctggcga 1080
    tgaagaaaac aaacagaaaa cagatgtcca ttacagatct ttggatggtg aagggaattt 1140
    taactggcga tttgttttcc cgtttgacta ccttccagcc gaacaactct gtatcgttgc 1200
    gaaaaaagag catttctgga gtattgacca aacggaattt cgaatcccac ccaggctgat 1260
30  cattcagata tgggacaatg acaagtttct tctggatgac tacttgggtt tccatgaact 1320
    tgacttgctg cacacgatca ttcttgcaaa atcaccagag aaatgcaggt tggacatgat 1380
    tccggaccct aaagccatga acccccttaa agccaagaca gcctccctct ttgagcagaa 1440
    gtccatgaaa ggatgggtgc catgctacgc agagaaagat ggccgcccgcg taatggctgg 1500
    gaaagtggag atgacattgg aaatcctcaa cgagaaggag gccgacgaga ggccagccgg 1560
35  gaaggggccc gacgaaccca acatgaaccc caagctggac ttaccaaatac gaccagaaac 1620
    ctcccttcctc tgggttcacca acccatgcaa gaccatgaag ttcacgtgtg ggccgcccgt 1680
    taagtgggtc atcatcggtc tgcgttccct gcttatcctg ctgctcttcg tggccgtgct 1740
    cctctactct ttgccgaact atttgtcaat gaagattgta aagccaaatg tgaacaaag 1800
    gcaaaaggctt catttcaaga gtcattccagc aatgagagaa tctgcctct gtagaccaac 1860
40  atccagtgtg attttgtgtc tgagaccaca cccagtagc aggttacgcc atgtcaccga 1920
    gccccattga tcccagagg gtcttagtcc tggaaagtca ggccaacaag caacgtttgc 1980
    atcatgttat ctcttaagta taaaagtgtt tattttctaa agtttaaatac atgtttttca 2040
    aaatatTTTT caaggtggct ggttccattt aaaaatcatc tttttatatg tgtcttcggt 2100
    tctagacttc agcttttgga aattgctaaa tagaattcaa aaatctctgc atcctgaggt 2160
45  gatatacttc atatttgtaa tcaactgaaa gagctgtgca ttataaaatac agttagaata 2220
    gttagaacaa ttcttattta tgcccacaac cattgtcata ttttgtagtg atgtcataaa 2280
    agtctattta acctctgtaa tgaaactaaa taaaatgtt tcacctttaa aac 2333

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 45:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1612 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 45

```

15  gtctctctttt tttctctttt tttttttttt tttttttttc cctgtggaag tgctttttatt 60
    agcagtaagg ctgatcgtag aaaaaattct cagagcttca taggacaagg tagtacaagt 120
    atggatgata caggactgag gaacggggga cggctcaaaa gaaatcaaca tcgtctgggg 180
    catccaggtc ccgatattcc acaatggccc ttgggtctcc acgaaccatc ctgttgcgag 240
    gtttcccagg ataacctccc tggcctcgga aggcatacata gtccctcga ccagcaccat 300
20  acggggcatg ggggatgga gggcctcctg tggggactgc agggcggaca gcaccagctc 360
    catagcccaa gatcgggggc cggggctgac catagggcat caggccctgg ggagtctggt 420
    gtgggtaggg gaggctctgg gtcaaacctg gggggagtat ctgggcgggc ccagggtggct 480
    gggctggcct gatctcaggc agagctgggc gcttagcatc agtgaggaag ttgttaaaaa 540
    acgcgacttc ctttttctact tctcaattt tctctgcatg cttgttgaag atatgtttgc 600
25  gcacaaactc aggacccttg aatttcttgc cactgagagg acacagccac ttatccttgc 660
    ccagttcctg cgtgttgagg gtgaogaact tctccacttc ctgctctggg tctttgccc 720
    ccatcttctg ggcctcttcc tctgagagtg actccgcac actcagcaac ggcgtgagct 780
    tctctcaaaa agtcttctgc cactccagca cttccccgtg actgatgcgg ttgggtggca 840
    tgggcccccg aacgtggatg atcccacagc gattgggcat ctgctcctcg ttgggtgact 900
30  cacagggtgt gtaataatcc aaggaatgca cgatgcgcag gtaaaggagg agcttgctca 960
    agaccttaat caacttctca tcccgtctca cgttgatctc tgccgggttc ccttccttag1020
    gaggctcctc aggaggagcg ccccgcctgc tcccagcag ctctcctcc tcggcgctta1080
    ctctcctgat caggtagtcg gtgatattct tcaagatcgg gttttgcgag ggcaggctcg1140
    tgggcagggg aggcgtccct ggttctgagg cccaaagctg tgtcctgtca tccagcgtgt1200
35  ggatcagctt ggcgcgcagc ttgatgtcgt tgcgcacaat ctgcttgtgc tgggtgatgc1260
    cgttgatgtt gcgaacgcgc cgggtcaggc cctgtttcac accagggtc agctcacact1320
    cccggagacg gatgttctgc aggttccaac agatctcttt aatgttaaca ctgcggctcg1380
    aggtcaccca gccacgacgg aaaaacctcc tctctggctg gggctctgag agcgcaccc1440
    gcataaagcc tgggtacctt ttacaaaggg agatgatctc ggcccgagg atgttggcg1500
40  cgatgttgcg catgaagagg gagcaggctt tatgcagcgg ccgcggcttg cactccagcc1560
    ccgcggcgctc cttgggcttc tccattctt cttccttggg cttctccttc tc 1612

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 46:

45

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1106 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 46

```

gaaagctctg gctttcaggc tataggaaga gcagaagatg atgccagaag ttgctgggtt 60
aaaaccagcg agtccaccg tccctaccag ctccctcagaa ggcggagacc gaccctgata 120
acttaccgga tatttcgtca cagaagacac aaagacacat ccagcgggga ccacctcacc 180
tgcagattag accccaagc caaagacctg aaggatggga ccaggagga ggccacaaaa 240
aggcaagaag cccctgtgga tccccgccg gaaggagatc cgcagaggac agtcatcagc 300
tggaggggag cggatgatcg gcctgagcag ggcaccgagc tcccttcaag aagagcagaa 360
gtgcccacca agcctcccct gccaccggcc aggacacagg gcacaccagt gcatctgaac 420
tatcgccaga agggcgtgat tgacgtcttc ctgcatgcat ggaaaggata ccgcaagttt 480
gcatggggcc atgacgagct gaagcctgtg tccaggtcct tcagtgagtg gtttggcctc 540
ggtctcacac tgatcgacgc gctggacacc atgtggatct tgggtctgag gaaagaattt 600
gaggaagcca ggaagtgggt gtcgaagaag ttacactttg aaaaggacgt ggacgtcaac 660
ctgtttgaga gcacgatccg catcctgggg gggctcctga gtgcctacca cctgtctggg 720
gacagcctct tcttgaggaa agctgaggat tttggaaatc ggctaatagcc tgccttcaga 780
acaccatcca agattcctta ctcgatgtg aacatcggtc ctggagttgc ccaccgcca 840
cggtggacct ccgacagcac tgtggccgag gtgaccagca ttcagctgga gttccgggag 900
ctctcccgtc tcacagggga taagaagttt caggaggcag tggagaaggt gacacagcac 960
atccacggcc tgtctgggaa gaaggatggg ctggtgccca tggtcatcaa taccacagt 1020
gggcctgttt caccacctg gggcgtatct cagggtgggg cgccaggggc cgacagctta 1080
ttattgagtt acctgtttga aaggca
  
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 47:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 1370 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 47

```

gcggtggcga ggggcgtaac ggttggtgta gtccggcccc ctccctggctg gtccagccac 60
attaaccggc aggatgtcgg aggtgcggct gccaccgcta cgcgccctgg acgactttgt 120
tctggggtcg gcgcgtctgg cggctccgga tccatgcgac ccgcagcgat ggtgccaccg 180
cgtcatcaac aacctcctct actaccaaac caactacctt ctctgcttcg gcatcgccct 240
5 cgctctcgcc gggtacgtgc ggccacttca tacgtcctg agcgcgctgg tagtggggt 300
ggccctcggc gtgctggtgt gggcagctga gaccgcgca ctgtgcgccc ctgccgccgc 360
agccaccctg cagcctgcct ggccgcagtg cttgccgtcg gcctcctggt gctctgggtc 420
gcggggcgcg cttgcacctt cctgttcagc atcgccgggc cgggtgcttct gatcctgggt 480
cagcctcgt tgcgcctgcg caaccttaag aacaagattg agaacaagat cgagagcatt 540
10 ggtctcaagc ggagccaat gggcctgcta ctagaggcac tgggacaaga gcaggaggct 600
ggatcctagg cccctgggat ctgtaccagc gacctggaga ataccacccc accccagcc 660
cataattggg acccagagcc ctttcccagc acttaaaaca ggagcctaga gccccctgcc 720
caaacaaaac aggacatctg tgaccgccct acccccacgc cagccccaaa ctaagatatc 780
cctcacaccc agccccatt acctagggac aagagtcttc cccagccttg aacctaggac 840
15 caagagccac ctacatccag ccccaaaaact ggggcttcag gccagagcat ccatggccaa 900
tttcaaattg tgaaccaga gacactccca tccacccttc tccatgctca tcccaaaact 960
ggggcctgga gcaaggcaat ctcaaactct gaacctgga ccaaagcttt tccagacccc1020
acctacctt ccaacccagg tcaagacatt gccaaactct gaactcagaa cccaagtgtt1080
ccatgccccct gtgtggatgg agtcgggtat cctgactgtt ggacccttg tccaggtgat1140
20 cccgaccctc accagtccca tttgcctccc tccagctctg cttaggcatt ttgcccctca1200
cccaatgtt ccacaccatc gacaaccaag ggtgaggtg gggacaggcc tcagcaggga1260
atggggcgta tatgttagtg ttgctgcaac aataaagcct gttgcatctc tcatgccaaa1320
aaaaaaaaa aagtcgaccg gccgcaaata tagtagtagt agtcgtccgc 1370

```

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 48:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 30 (A) LÄNGE: 617 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

35 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 45 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 48

```

ctcgtagttt attaatgat gtacaatttg gccagtttgg agatgaccca aaggaggaag 60
taatggttct ggagagaatc ttactggcag accatcaagg ttgatttaca ggtagaacat120
ccataccagt tcctactaaa atatgcaaag caactcaaag gtgataaaaa caaaattcaa180
aagttggttc aaatggcatg gacatttcta aatgacagtc tctgcaccac cttgtcactg240
cagtgggaac cagagatcat agcagtagca gtgatgtatc tcgcaggacg tttgtgcaaa300
55 ttgaaatac aagaatggac ctccaaaccc atgtatagga gatgggtggg gcagtttgtt360
caagatgtcc cggtcgacgt tttggaagac atctgccacc aaatcctgga tctttactca420
caaggaaaac aacagatgcc tcatcacacc ccccatcagc tgcaacagcc cccatctcct480
gagcctccca ccccgctgac tgggcccctgt ggttgctggg cctccacact caaggagggg540

```

aaggttgtag agcccgaacc cgtggagcaa tgccctgtct ggcctccaaa accaaaataa600  
aactgggtca ctttaaa 617

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 49:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1899 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 49

tgtgtgaggc	ccaacagcgg	aatcatcgat	gcaggggcct	gaattaatgt	atctgtgatg	60
ttacagcctt	tcgattatga	tccaatgag	aaaagtaaac	acaggttatg	gttcagtcta	120
tgtttgctcc	aactgacact	tcagatatgg	aagcagtatg	gaaggaggca	aaaccggaag	180
accttatgga	ttcaaaactt	agatgtgtgt	ttgaattgcc	agcagagaat	gataaaccac	240
atgatgtaga	aataaataaa	attatatcca	caactgcatac	aaagacagaa	acaccaatag	300
tgtctaagtc	tctgagttct	tctttggatg	acaccgaagt	taagaaggtt	atggaagaat	360
gtaagaggct	gcaaggtgaa	gttcagaggc	tacgggagga	gaacaagcag	ttcaagggaag	420
aagatggact	gcggatgagg	aagacagtgc	agagcaacag	ccccatttca	gcattagccc	480
caactgggaa	ggaagaaggc	cttagcaccc	ggctcttggc	tctggtgggt	ttgttcttta	540
tcgttggtgt	aattattggg	aagattgcct	tgtagaggta	gcatacacag	gatggtaaata	600
tggattggtg	gatccaccat	atcatgggat	ttaaatttat	cataaccatg	tgtaaaaaaga	660
aattaatgta	tgatgacatac	tcacaggtct	tgctttaa	ttaccctcc	ctgcacacac	720
atacacagat	acacacacac	aaatataatg	taacgatctt	ttagaaagtt	aaaaatgtat	780
agtaactgat	tgagggggaa	agaatgatc	tttattaatg	acaagggaaa	ccatgagtaa	840
tgccacaatg	gcatattgta	aatgtcattt	taaacattgg	taggccttgg	tacatgatgc	900
tggattacct	ctcttaaaat	gacacccttc	ctcgctgtt	ggtgctggcc	cttggggagc	960
tggagcccag	catgctgggg	agtgcggtca	gctccacaca	gtagtcccca	cgtggcccac	1020
tcccggccca	ggctgctttc	cgtgtcttca	gttctgtcca	agccatcagc	tccttgggac	1080
tgatgaacag	agtcagaagc	ccaaaggaat	tgactgtgg	cagcatcaga	cgtactcgct	1140
ataagtga	ggcgtgtgtt	gactgattga	cccagcgctt	tggaaataaa	tggcagtgtc	1200
ttgttcactt	aaagggacca	agctaaattt	gtattggttc	atgtagtga	gtcaaaactgt	1260
tattcagaga	tgtttaaatg	atatttaact	tatttaatgt	atttcacatc	atgttttctt	1320
attgtcacaa	gagtacagtt	aatgctgcgt	gctgctgaac	tctgttgggt	gaactggtat	1380
tgctgctgga	gggctgtggg	ctcctctgtc	tctggagagt	ctggtcatgt	ggaggtgggg	1440
tttattggga	tgctggagaa	gagctgccag	gaagtgtttt	ttctgggtca	gtaaataaca	1500
actgtcatag	ggagggaat	tctcagtagt	gacagtcaac	tctaggttac	cttttttaata	1560
gaagagtagt	cagttctcta	gattgttctt	ataccacctc	tcaaccatta	ctcacacttc	1620
cagcgcgccag	gtccaagtct	gagcctgacc	tccccttggg	gacctagcct	ggagtcaggal	1680
caaattggtc	gggctgcaga	gggttagaag	cgagggcacc	agcagttgtg	ggtggggagc	1740
aagggaagag	agaaactctt	cagcgaatcc	ttctagtact	agttgagagt	ttgactgtgal	1800

attaatttta tgccataaaa gaccaaccca gttctgtttg actatgtagc atcttgaaaa1860  
 gaaaaattat aataaagccc caaaattaag aaataaaaa 1899

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 50:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1398 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 50

```

agaatgtcgg gcggtgctgc gaggcccaag cccgggcccgg ggccgcctcc ctcaacgcct 60
cccttgacgg cctccacaac gcactcttcg ccaactcagcg cagcttgag cagcaccagc 120
30 ggctcttcca cagcctcttt gggaacttcc aagggtcat ggaagccaac gtcagcctgg 180
acctggggaa gctgcagacc atgctgagca ggaaaggga gaagcagcag aaagacctgg 240
aagctccccg gaagaggga aagaaggaag cggagccttt ggtggacata cgggtcacag 300
ggcctgtgcc aggtgccttg ggcgcggcgc tctgggagggc aggatccct gtggccttct 360
atgccagctt ttcagaaggg acggctgccc tgcagacagt gaagttcaac accacatata 420
35 tcaacattgg cagcagctac ttccctgaac atggctactt ccgagccct gagcgtggtg 480
tctacctgtt tgcagtgagc gttgaatttg gccacggggc aggcaccggg cagctggtgt 540
ttggagggtc ccatcggaact ccagtctgta ccaactggga ggggagtggg agcacagcaa 600
cggctcttgc catggctgag ctgcagaagg gtgagcagat atggtttgag ttaacccagg 660
gatcaataac aaagagaagc ctgtcgggca ctgcatttgg gggcttctct atgtttaaga 720
40 cctgaacccc agcccaatc tgatcagaca tcatggactc gccagctct cctcggcctg 780
gggctctggc caaggatggg ctggagggtc ttcagttggt ctgtctcttc cctggaaacc 840
ttctgcaaag atggtgtggt gtacgtggct tccctgtaac cacatggggc ttggccattt 900
ctccatgatg agaaggactg gaatgcttct ccgggcagga catggtccta ggaagcctga 960
accttggtct ggcatgcctt ctccagacagc acggcctggg ctccaactct tcaccacacc1020
45 ctgtattcta caactcttct ggtgttttgc tctcctgtg gttggaaact tctgtacaac1080
actttaaaact tttctcttgc ttctcttctt cttctccctt atcgatgat agaaagacat1140
tcttccccag gaggaatggt taaaatggag gcaacatttt ggccaacatt ggaagcact1200
agagggcaat gggattaaac caacctgctt ggtctctatt agtcagtaat gaagacgaca1260
gcctggccaa ccaagggaaa ggaaattagt atctttagtt tcagtcattc cttgtagggg1320
50 tatgggtttt agcttgtggc ccccaccgaa aagattcatc ttggattgtt aatgcctatt1380
attccccaca ttaagggg 1398

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 51:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1340 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 51

20 tttggcatca tttacaattt catagaatta ctgtgaaggc ctttctagtt gagatgttgg 60  
 ggtatttggg attctaattg ttaaccccag aagaaggtaa tttagcttgt atttatttaa 120  
 aaccatttta gccttttact tatactctgg agaattccag tgatcatcct aataaggat 180  
 atttcagaat aatttttttt tccttcagaa taacttagaa tcagatgcta taagggctcc 240  
 25 taggagcagt gtgaaatttc cgtaaagata aatttgaatg ttgtaaccaa gtttatatta 300  
 aaccaagagg ccatttccaa tatgattttt tgtttctttt taacttgta agtccctaag 360  
 agattacatg ctaggccttg agtcatttct attgtagata atgatggccc acacagtcac 420  
 cttcaactat ccacataagc taggctttcc gcttttgcca cggacagtgt gaccaagata 480  
 tttccagagt aaataaccca ccacaacctt ggtaattcct cttttcttct taagctccag 540  
 30 gaagcgaaag cagaaggact cttttcagac tgccctctgt agcctacatt gcagctttcc 600  
 aaaacaggca gctagcactg ggaaagccca tgtggtgacc ccatattttt ctgaggttct 660  
 tcttttccat ggtgttactt tattatcaga aagtaaattc agaaaacagg tcttgccctt 720  
 agcagacaag aaccacacca gtttcttgta aaggtaacgg atacattggg attcaggagt 780  
 gacacagagg tccagcccca gaacttgtaa ggattttgtt tgaacactga gcagatgcct 840  
 35 cctccctgcc acccatcaca ctagttaggg ctggccatga attctatgcc agagtcactc 900  
 ctgcagtctg ctagggatgg gccttcttat ccactctcg cacacatccc agtctagtct 960  
 ttgccttcac agagtcctcc ttgacacccc tgacttaatg atagttgctg ttttgagta1020  
 gaattgatca ggtttaagtc atcctgctca ggttgggcat agtggctcat gcctgtaatc1080  
 tcagcacttt gggaagccaa agtgggagga ttgcttgagc ccaggagttc caaaccatcc1140  
 40 tgggcaacag agggagaccc tgtctctacc aagaaaaaaa aaaaaaaa aaagttaaaa1200  
 aaacaattag ctggacctgg tggcgacac tcagtaggct gaggtgaaag gattcctt1260  
 acatgggaga ctgaagatgc agtgagccat gaatcagcaa ctgcacacca gtatgagaga1320  
 aaaagtggaa ccctatcaca 1340

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 52:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 315 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 50 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

55 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 52

```

atcagcacat caattgcagc attgtggcta ccagggggtc aggatgcggg cggaggagcc 60
ctctggcctt tgtgtggtag ccgaggactc tgtgtcagcg accgttttcc gggaaacttc120
cgggcgagac tcacatcttg gaaattcaaa tactcaatag ctctcgaatt ctaggaatct180
tgagaagagg cctggattaa ggattcagac gtgggccctc agatggctat ggcattgctg240
gttctacca cgtgacaggt gatcaagtta agaagctgga cgtcctctcc aacgacctgg300
gtatggaaca ggta                                     315

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 53:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1162 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 53

```

cggctcgagc ggctcgagat tcgaggtcgt ggtggtcttg gaagagcgtc gagggggccg 60
tggacgtgga atgggccgag gagatggatt tgattctcgt ggcaaacgtg aatttgatag 120
gcatagtgga agtgatagat ctggcctgaa gcacgaggac aaacgtggag gtagcggatc 180
tcacaaactgg ggaactgtca aagacgaatt aacagagtcc cccaaatata ttcagaaaca 240
aatactctat aattacagtg acttgatca atcaaatgtg actgaggaaa cacctgaagg 300
tgaagaacat catccagtgg cagacactga aaataaggag aatgaagttg aagaggtaaa 360
agaggagggt ccaaaagaga tgactttgga tgagtggaag gctattcaaa ataaggaccg 420
ggcaaaagta gaatttaata tccgaaaacc aaatgaaggt gctgatgggc agtggaaaga 480
gggatttgtt cttcataaat caaagagtga agaggctcat gctgaagatt cggttatgga 540
ccatcatttc cggaagccag caaatgatat aacgtctcag ctggagatca attttgaga 600
ccttgccgc ccaggacgtg cgggcagggg aggacgaggt ggacgtgggc gtggtgggcg 660
cccaaaccgt ggcagcagga ccgacaagtc aagtgtctct gctcctgatg tggatgaccc 720

```

```

agaggcattc ccagctctgg cttaactgga tgccataaga caaccctggt tcctttgtga 780
acccttctgt tcaaagcttt tgcatgctta aggattccaa acgactaaga aattaaaaaa 840
aaaaagactg tcattcatac cattcacacc taaagactga attttatctg ttttaaaaaa 900
gaacttctcc cgctacacag aagtaacaaa tatggtagtc agttttgtat ttagaaatgt 960
5 attggttagc gggatgtttt cataattttc agagattatg cattcttcat gaatactttt 1020
gtattgctgc ttgcaaatat gcatttccaa acttgaaata taggtgtgaa cagtgtgtac 1080
cagttaaaaa aatcacaaaa aaaaaaatt ttaattaagg atttagaagt tcccccaatt 1140
acaaactggt tttaaatatt gg                                     1162

```

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 54:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1826 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

15 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

30 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:54

```

gggtcgagg cccccgccct gttcgccccg cgccaccggc ccgcgccccg ccatggagga 60
35 cctggatgcc ctgctctctg acctggagac taccacctcg cacatgccaa ggtcaggggc 120
tcccaaagag cgccctgcgg agcctctcac ccctcccca tcctatggcc accagccaca 180
gacagggtct ggggagctt caggagctc gggggacaag gaccacctgt acagcacggt 240
atgcaagcct cgggtcccaa agcctgcagc cccggcggcc cctccattct cctcttcag 300
cgggtgtctg ggtaccgggc tctgtgagtc agatcggtt cttcaggaac ttaatgccac 360
40 tcagttcaac atcacagatg aaatcatgtc tcagttccca tctagcaagg tggcttcagg 420
agagcagaag gaggaccagt ctgaagataa gaaaagaccc agcctccctt ccagcccgtc 480
tcctggcctc ccaaaggctt ctgccacctc agccactctg gagctggata gactgatggc 540
ctcactctct gacttcgcgc ttcaaaacca tcttcagcc tctgggcca ctcagccacc 600
gggtgtgagc tccacaaatg agggctcccc atccccacca gagccgactg gcaagggcag 660
45 cctagacacc atgctggggc tgctgcagtc cgacctcagc cgccgggggtg ttcccacca 720
ggccaaaggc ctctgtggct cctgcaataa acctattgct gggcaagtgg tgacggctct 780
gggcccgcgc tggcaccgcg agcacttctg ttgcggagtc tgttccaccg ccctgggagg 840
cagcagcttc ttcgagaagg atggagcccc cttctgcccc gagtgtact ttgagcgctt 900
ctcgcaaga tgtggcttct gcaaccagcc catccgacac aagatggtga ccgccttggg 960
50 cactcactgg caccagagc atttctgctg cgtcagttgc ggggagccct tcggagatga 1020
gggtttccac gagcgcgagg gccgccccct ctgccgcggg gacttctctg agctgttcgc 1080
cccgcgtgc cagggtgcc agggccccat cctggataac tacatctcgg cgctcagcgc 1140
gctctggcac ccggatggt tcgtctgcag ggaatgctt gcgcccttct cgggaggcag 1200
ctttttcgag cagcagggcc gcccggtgtg cgagaaccac ttccacgcac gacgcggctc 1260
55 gctgtgcgcc acgtgtggcc tcctgtgac cggccgctgc gtgtcggccc tgggtcggcg 1320
cttcaccgcg gaccacttca catgcacctt ctgcctgcgc ccgctacca aggggtcctt 1380
ccaggagcgc gccggcaagc cctactgcc a gccctgctt ctgaagctct tcggctgaca 1440

```

```

gcccgcctcgg ctgcgcctct cccccggagg ccgcgcctc cgggaaaagc cgggtcctcc1500
agaccccagag gccttgctct cagagcggga ggccccaccc actggagagc cccgccccta1560
aggtactatg agtcctcagg ggtcaagttc agaaacggcc cagccagacc taaaccaca1620
cgcccacaaa gtggattgca cacagacaag aactcccggt cgggcctcca ctctattccc1680
5 acccttgagg gagccccctt actgggggag ggctccttga attccagcga atcggaggcc1740
aggccaggac gtccttgctc cctgcaccct cactgttctg tgcacttttt ctacctacat1800
aaacacacgc attccacctc aaaaaa 1826

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 55:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1114 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 55

```

gatgaagtag atgactttga ggacttcac ttcagccact tctttggaga caaagcactg 60
aagaagaggt caggaagaa ggacaagcac tcacagagcc caagagctgc ggggcccagg 120
35 gaggggcaca gcatagggg ctgacacct gccccacagg gaatggcctt ggccctggccc 180
agcccaagat ccagcgtta tctaactcct ggagggtgga ctctgtcctg gcttggttgg 240
tgtcctcaga tatctttcac acagtagagc aaaatcacca gccctgcact gatgtcactt 300
tatgtagaaa aaggccttag ctggacctgc gttgccgtct atgcaaatgc atgcaaatac 360
tccaggccct gggatgtggg cttgtgtttt gtcactgtga agggggagat gggagaggag 420
40 cctgttttgg ggtgggtctt ggggaaggca atctgattct gaagctaaag agctttcatc 480
ctcttgagtg tatgtcccca tagtgggccc cttgaccac atgctgaccg gtgccttggg 540
atttgactag agttgctggc tcgaggccca gcacgaggac ttaccctggg gttttgtag 600
gtttggaagc agctgtccct aggggggtgaa gtccccccc tttttttttt ttacccttg 660
cttctccac ggcttcacct ccctatgtga actgtagact cagatcccaa taaagtgtct 720
45 ttgcagctat gatgctaggt ggtttctaag cacaggggac accccacacc ccctgcctga 780
atggatgggt ccacccagg cactggtact tgcccccttg ttctgtatcc ccctttgccc 840
ttgccttgcc cttccaacaa accctaggcc cttgagaagc tgatacttct ccttttgctc 900
acagctgcct tggccccacc cctgggagat gtagcaaatt gagtgtgggt tttggagtct 960
gagcctcagg ctcaaataca ggccaagtga tcttgggcaa gttaatctct gggaactttg1020
50 ggtttcttat cctcaaaaaa ggcgatggaa gggctgggga agtgattaaa taaaagcaac1080
gcaagaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaa 1114

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 56:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1644 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 56

20  
 ctcgagccgt gcaagtggaa taacacgggc tgccaggccc tgcccagcca agaacgaagg 60  
 ccccagcaag gccttcgtga actgtgacga gaacagccgg cttgtctccc tgaccctgaa 120  
 cctggtgacc agggctgatg agggctggta ctggtgtgga gtgaagcagg gccacttcta 180  
 tggagagact gcagccgtct atgtggcagt tgaagagagg aaggcagcgg ggtcccgcga 240  
 25 tgtcagccta gcgaaggcag acgctgctcc tgatgagaag gtgctagact ctggttttcg 300  
 ggagattgag aacaaagcca ttcaggatcc caggcttttt gcagaggaaa aggcggtggc 360  
 agatacaaga gatcaagccg atgggagcag agcatctgtg gattccggca gctctgagga 420  
 acaaggtgga agctccagag cgctgggtct caccctgggtg cccctggggc tgggtgctggc 480  
 agtgggagcc gtggctgtgg ggggtggccag agcccggcac aggaagaacg tcgaccgagt 540  
 30 ttcaatcaga agctacagga cagacattag catgtcagac ttcgagaact ccagggaatt 600  
 tggagccaat gacaacatgg gagcctcttc gatcactcag gagacatccc tcggaaggaaa 660  
 agaagagttt gttgccacca ctgagagcac cacagagacc aaagaaccca agaaggcaaa 720  
 aaggtcatcc aaggaggaag ccgagatggc ctacaaagac ttctgtctcc agtccagcac 780  
 cgtggccgcc gaggcccagg acggccccca ggaagcctag acggtgtcgc cgcctgctcc 840  
 35 ctgcacccat gacaatcacc ttcagaatca tgtcgatcct ggggccctca gctcctgggg 900  
 accccactcc ctgctctaac acctgcctag gtttttctta ctgtcctcag aggcgtgctg 960  
 gtccctcctc cagtgcacac aaagcctggc ctaattgttc ctattgggga tgagggtggc1020  
 atgaggaggt cccacttgca acttctttct gttgagagaa cctcaggtag ggagaagaat1080  
 agaggtcctc atgggtccct tgaaggaaga gggaccaggg tgggagagct gattgcagaa1140  
 40 aggagagacg tgcagcgccc ctctgcaccc ttatcatggg atgtcaacag aatttttccc1200  
 tccactccat ccctccctcc cgtccttccc ctcttcttct ttcttccat caaaagatgt1260  
 atttgaattc atactagaat tcagggtgctt tgctagatgc tgtgacaggat atgccaccaal320  
 cactgctcac agcctttctg aggacaccag tgaagaagc cacagctctt cttggcgat1380  
 ttatactcac tgagtcttaa cttttcacca ggggtgctca cctctgcccc tattgggaga1440  
 45 ggtcataaaa tgtctcgagt cctaaggcct taggggtcat gtatgatgag catacacaca1500  
 ggtaattata aacccacatt cttaccattt cacacataag aaaattgagg tttggaagag1560  
 tgaagcggtt ttctttttct tttttttttt tgagacggag gtcttcaact tcgcccaggc1620  
 tggagtgcag tggcgcaatc tcgg 1644

50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 57:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 2184 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 55 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 57

```

tgcagtggtc agagtgaacct ggtataaggg agagggcatc accttgcccc ctgtgctgac 60
tcctgccctt gtgcgagggg agtccatccc gatccggctc ttcttgcccg ggtatgagct 120
cacgcccacc atgcgggaca tcaacaagaa gttctctgtg cgctattacc tcaacctggt 180
gctgatagac gaggaggagc ggcgctactt caagcagcag gaagtgggtg tgtggcggaa 240
gggtgacatc gtacggaaga gcatgtccca ccaggcgcc atcgccctcac agcgctttga 300
gggcaccacc tccctgggtg aggtgcggac cccagccag ctgtctgaca acaactgcag 360
gcagtaggcc ccagggccg agaagatgct gggcaccac ccagcaccac catctacca 420
caccagcgcc tggggcggg ggcggacct gtgaggctca gttgaccctg tacttgcaac 480
ctgaaaacaa atcatgtttt tgacttaaat tcttttctct ggagaacca aggggcttgg 540
ggtgggaagc agtctctcct tgggattctg cggccgatgt gggatagaag aggtagcatc 600
ctggaagcca gectctctgg ggaacatgag ccccttctct cggggggctg ccttgcgctc 660
tagaggaggg agagcagaga gcacgcaccc ttggtcctg gctctctgag cttcctgata 720
caggatctga gcatgtccct gggattctga gctgccaaac gggccctggg tagtcacatc 780
ttgtactccc ctttctgtgc ccggaggtag tggcaggagt tgggccagcc cccactaagt 840
ggcaggggaa gactcacgat tgggaagcta cctctttggg aatcttggat gtggtgatct 900
caagttccca caggccacct ctttctggcc actcactgct gggaccagc cactccctt 960
ctccatctc tctggattgt cagtaatgtc ctggaacaga agcctgtagg atggccttgg 1020
gcacggagaa gccctggggg cagtgtctgt cacggatggc ggcagtgtt aaccaggag 1080
gctgaaccgg gccaccacg gaagatgagt gcatggcaac cgctgcctt cagtcgctc 1140
cacttggtaa cccaaggtc tgggctgttc taggtattgc ttcacgtgcc ccagcaagc 1200
cttaacaaga gggcctgggt ccctgaagaa ccaatcccag gaaggggcct tgatccctcc 1260
gccttgctga gagtgaacct tcgtctctcc tcacctcca ttctatttct gggaattggg 1320
gcttagtttc gaacctttgg caaggctgtt ctactaatg cccaagcccc ttaccctc 1380
tccctatagg ttacacaggg gagaccagg cctcggcaga agactgtgc cacacttccg 1440
aatcattctg cttgccaaat aggtcatctt caccagtga ctgaccaag tttaggacca 1500
ttggtatcgt gtgtttaaaa aacacatata aaaaaactct tgtgaatatt cttgttatgc 1560
tagagaggaa ggtacttctc cctctacggc tctgcgctgg ggcctatggt agtaaagttg 1620
tttactgtcc tttttctgct tcccctggaa atgacaggca ttactctccc attggcctcc 1680
cttcccttta tagaaagacc aagcaggccc cactggccaa gaggtacggt atttggcagt 1740
ctgagttctc agtaatttgg aaagttaagg agttgggtcc tgtgtcacct ttcagttagt 1800
gtgggaaagg aagacttctg ttttctctag atcagtgcag tctcaggcct ttggcagggc 1860
tcatggatca gagctgagac tggagggaga ggcatttcgg gtagcctagg agggcgactg 1920
gcggcagcag aaccagggaa ggcaagggtt ttccccccac gctgtgtcct gtgttcaggt 1980
gcgacacaca atcctcatgg gaacaggatg acccatgcgc tgcccttgat gatcaagggt 2040
ggggcttaag tggataaggg aggcaagttc tgggttcctt gccttttcag agcatgaggt 2100
caggctctgt atccctcctt ttctagctg atattctaac tagaagcatt tgtcaagttc 2160
cctgtgtggc ccttcccccc agag
2184

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 58:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1510 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 58

```

agcctgggaa acacagtagg gctccacctc tacaaaaaac acaaaaatta gccaggcatg 60
tggcgtcata gtagaattaa tcaaaagcaa gaaaatggct ggaggagctg tcttggtggc 120
aggacctcct ggaactggca agacagctct ggctctggct attgctcagg agctgggtag 180
25 taaggtcccc ttctgcccc tgggtggggag tgaagtttac tcaactgaga tcaagaagac 240
agaggtgctg atggaagaact tccgcagggc cattgggctg cgaataaagg agaccaagga 300
agtttatgaa ggtgaagtca cagagctaac tccgtgtgag acagagaatc ccatggggagg 360
atatggcaaa accattagcc atgtgatcat aggactcaaa acagccaaag gaaccaaaca 420
gttgaaactg gacccagca tttttgaaag ttgacagaaa gagcgagtag aagctggaga 480
30 tgtgatattac attgaagcca acagtggggc cgtgaagagg cagggcagggt gtgataccta 540
tgccacagaa ttcgaccttg aagctgaaga gtatgtcccc ttgccaaaag gggatgtgca 600
caaaaagaaa gaaatcatcc aagatgtgac cttgcatgac ttggatgtgg ctaatgcgcg 660
gccccagggg ggacaagata tcctgtccat gatgggccag ctaatgaagc caaagaagac 720
agaaatcaca gacaaacttc gaggggagat taataagggt gtgaacaagt acatcgacca 780
35 gggcattgct gagctgggtc cgggtgtgct gttgtgtgat gaggtccaca tgctggacat 840
tgagtgtctc acctacctgc accgcgccct ggagtcttct atcgctccca tcgtcatctt 900
tgcatccaac cgaggcaact gtgtcatcag aggcactgag gacatcacat cccctcacgg 960
catccctctt gacctctctg accgagtgat gataatccgg accatgctgt atactccaca1020
ggaaatgaaa cagatcatta aaatccgtgc ccagacggaa ggaatcaaca tcagtgagga1080
40 ggcactgaac cacctggggg agattggcac caagaccaca ctgaggtagt cagtgcagct1140
gctgaccccg gccaaacttg ttgctaaaat caacgggaag gacagcattg agaaagagca1200
tgtcgaagag atcagtgaac ttttctatga tgccaagtcc tccgcaaaa tcctgggctt1260
gaccaggcag ggataagtta cattgaagtt gagatggctt gagggttttt cagcagctaa1320
gagacttccc caggtgtgcc tggcctgggg tccagcctgt gggcgctttg ccctgggggt1380
45 tgggggctgc ccttcccat tcaggcgttg gttgcagcg ttgttcaatt tcagtgtgtg1440
gaaagcgttt ttttttgaa gttagtctta agtgtttccc cttgggtttg ttttgaaaag1500
aacccttcct 1510

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 59:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1188 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 59

```

gagaactcac accatatgtg tcctgttcca gtgcgcgggt ctgtggagag ccgggtgcga 60
gcggcgccag cacgagggga aaagagctga gcggagacca aagtcagccg ggagacagtg 120
ggtctgtgag agaccgaata gaggggctgg ggccacgagc gccattgaca agcaatgggg 180
aagaaacaga aaaacaagag cgaagacagc accaaggatg acattgatct tgatgccttg 240
gctgcagaaa tagaaggagc tgggtgctgcc aaagaacagg agcctcaaaa gtcaaaaggg 300
aaaaagaaaa aagagaaaaa aaagcaggac tttgatgaag atgatatcct gaaagaactg 360
gaagaattgt ctttgaagc tcaaggcatc aaagctgaca gagaaactgt tgcaagtgaag 420
ccaacagaaa acaatgaaga ggaattcacc tcaaaaagata aaaaaaagaa aggacagaag 480
ggcaaaaaac agagttttga tgataatgat agcgaagaat tggaagataa agattcaaaa 540
tcaaaaaaga ctgcaaaacc gaaagtggaa atgtactctg ggagttaaac aaacttccta 600
aaaaagctaa agggaaagct caaaaatcaa ataagaagtg ggatgggtca gaggaggatg 660
aggataacag taaaaaaatt aaagagcgtt caagaataaa ttcttctggt gaaagtgggtg 720
atgaatcaga tgaatttttg caatctagaa aaggacagaa aaaaaatcag aaaaacaagc 780
caggtcctaa catagaaagt gggaatgaag atgatgacgc ctccctcaaa attaagacag 840
tgggccaaaa gaaggcagaa aagaaggagc gcgagagaaa aaagcgagat gaagaaaaag 900
cgaaactgcg gaagctgaaa gaaaaagaag agttagaaac aggtaaaaag gatcagagta 960
aacaaaaagg atctcaaagg aaatttgaag aagaaactgt aaaatccaaa gtgactgttg1020
atactggagt aattcctgcc tctgaagaga aagcagagac tcccacagct gcagaagatg1080
acaatgaagg agacaaaaag aacgaaagat aagaagaaaa agaaaggagg acaaggagg1140
aaaagagaac agagaaggaa agaaggcct ggcaaaagcc actgtttc 1188

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 60:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2208 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 60

```

gcaggacggc tctgggccct tcctggctga cttcaacggc ttctcccacc tggagctgag 60
aggcctgcac acctttgcac gggacctggg ggagaagatg gcgctggagg tcgtgttcct 120
ggcacgaggg cccagcggcc tcctgctcta caacgggcag aagacggacg gcaaggggga 180
10 cttcgtgtcg ctggcactgc gggaccgccg cctggagttc cgctacgacc tgggcaaggg 240
ggcagcggtc atcaggagca gggagccagt caccctggga gcctggacca gggctctact 300
ggagcgaaac ggccgcaagg gtgccctgcg tgtggggcag ggcccccggt tgttggggga 360
gtccccggtt ccgcacaccg tcctcaacct gaaggagccg ctctacgtag ggggcgctcc 420
cgacttcagc aagctggccc gtgctgctgc cgtgtcctct ggcttcgacg gtgccatcca 480
15 gctggtctcc ctcgagggcc gccagctgct gaccccgag cactgtgctgc ggcaggtgga 540
cgtcacgtcc tttgcaggtc accctgcac cccggcctca ggccaccctt gcctcaatgg 600
ggcctcctgc gtcccagggg agcctgccta tgtgtgcctg tgtcccgggg gattctcagg 660
accgcactgc gagaaggggc tggaggagaa gtcagcgggg gacgtggata ccttggcctt 720
tgacggggcg acctttgtcg agtacctcaa cgctgtgacc gagagcgaga aggcactgca 780
20 gagcaaccac tttgaactga gcctgcgcac tgaggccacg caggggctgg tgctctggag 840
tggcaaggcc acggagcggg cagactatgt ggcactggcc attgtggacg ggcacctgca 900
actgagctac aacctgggct cccagcccgt ggtgctgctg tccaccgtgc ccgtcaacac 960
caaccgctgg ttgcgggtcg tggcacatag ggagcagagg gaaggttccc tgcaggtggg 1020
caatgaggcc cctgtgaccg gctcctcccc gctgggcgcc acgcagctgg aactgatgg 1080
25 agccctgtgg cttggggggc tgcggagct gcccggtggc ccagcactgc ccaaggccta 1140
cggcacaggc tttgtgggct gcttgcgga tgtgtgtgt ggccggcacc cgctgcacct 1200
gctggaggac gccgtcacca agccagagct gcggccctgc cccaccccat gagctggcac 1260
cagagccccc cgcccgtgtt aattattttt tatttttcta aacttgtcgc tttttgat 1320
gattttcttg cctgagtgtt ggccggaggg actgctggcc cggcctccct tccgtccagg 1380
30 cagccgtgct gcagacagc ctagtctga gggatggaca ggcaggtgg cagcgtggag 1440
ggctcggcgt ggatggcagc ctcaggacac acaccctgc ctcaaggctc tgagcccccg 1500
ccttgcactg cgctgcccc acggtgtccc cgccgggaag cagccccggc tcctgaatca 1560
ccctcgctcc gtcaggcggg actcgtgtcc cagagaggaa ggggctgctg aggtctgatg 1620
gggcccttcc tccgggtgac cccacagggc ctttccaagc ccctatttga gctgctcctt 1680
35 cctgtgtgtg ctctggaccc tgccctggcc tcctgcgcca atactgtgac ttccaaaca 1740
tggttactct ggccacagct ctgcgttgct cccgtgctgc ctgcccagc ccaggctgct 1800
ggaggacaga ggccagacca gggccgatct ggggtgcctg accctcagct ggccctgccc 1860
agccaccctg gacatgaccg taccctctg ccacacccca ggccctgcga ggggctatcg 1920
agaggagctc actgtgggat ggggttgacc tctgccgcct gcctgggtat ctgggcctgg 1980
40 ccatggctgt gttcttcctg tgttgatttt atttgacccc tggagtgtgt ggtctcatct 2040
ttcccatctc gcctgagagc ggctgagggc tgccctactg caaaatcctc cccacaaaag 2100
cggtcagtga aaagtcggtc ctttgtccta aaaaatgacc aaggggcca gcaagttttg 2160
tgaacaaagg gtgaaggggg aagttcgaaa aggttggaag ggaatttt 2208

```

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 61:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 283 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

50 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

55

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 61

```
gaaaaggggg aggggggagtg acaatctttg cttggggcct atgacttctc cagccccaag 60
gggagatgcc accgggaaat cccccaatgt ccactagggg gcaggaggcc accgttcttc120
gtactccgga gaacctggct ggagagctct ttcttggtca cccttcctc cagctgtatc180
tctgccctgc agataacgtg aaggactgga gcaaggctcg cctggcctat gagcctgtgt240
gggccattgg tactggcaag actgcaacac cccaacaggg aac 283
```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 62:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 184 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 62

```
aacggaggat gcctaggctt ctggaggcga agaaggacgc ggcaagctgc gaaaagtcac 60
gggtatctgc aagcatgaaa tgatccgtga atatccgaat ggggcaacct gtgcaggtga120
agcctgcaca cctgaataaa tcaggggcag acgcaggga ctgaaacatc ttagtacctg180
cagg 184
```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 63:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1780 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 63

```

1000000000 0000000000 0000000000 0000000000 0000000000 0000000000 60
caccaagccc cggccgacct tcttctatct ttcattctc ctttccaaag ccatggccat 120
gcgctcctgt gtacaggtgc ataaacacat cagtgtgcca tccctcacat gcatgtcgtt 180
2000000000 0000000000 0000000000 0000000000 0000000000 0000000000 240
ccccacccct ccttcccagg gcttctcttg gctccagcgt tctctgga ccctctgcag 240
atacagcctg tgctggaccc ccagccaggg tgagggctca ttctgctctg tcttccccac 300
tgcctcagtt tccccaaaaa gctgctttca cgtccttcta gtagggggcc tccatgggg 360
gcaaggatcc cctttaggat tcaatctttc ctctttgggc agttttggct ttgagtcacc 420
cagggatcag ggtgagaatg aagaagagct cagtgcagcg aatgacagca gctgggtggg 480
2500000000 0000000000 0000000000 0000000000 0000000000 0000000000 540
tggtgtgggg agaggctgag gggaaggcag ctctaagact gggagtggag ttctggagg 540
tgtggggagg ggggcgtgtt ttcaatttag aaaaatctca gccagctcga gccagagagag 600
aatgcgaaag aggaagtctg gaaggagcga ggaatggggt ggggtggcagc gggggccgct 660
cagttgctgt cgctcttgct caccagcacg gcgtccgact cctcgggtgat ctccagcagc 720
gcgtgcacgt cggggctgct ccgcgcgcgc aggtcgccgc cctccccccg ctccgcccac 780
3000000000 0000000000 0000000000 0000000000 0000000000 0000000000 840
ctccaccatc tcggtggcct tgagcacttc cacctggccc tcgcggatct tcttgacgtg 840
gaaggtgaag ggtggcacct ttagaccgc ggtcttgag cgcgctaca ccacgtggtc 900
gggcgtgaag gatttgccga acttgccgc cgacgtcttc agtttctcgc gccgctcggc 960
gggcaccagg cgcgtgccca gcttggtcat gcgttctcc aggggtgtgc gccgtctctc 1020
caggttttcc ttggtcttga ggcgctctt ctccaggttc tcgcgggtac gcaccttgg 1080
3500000000 0000000000 0000000000 0000000000 0000000000 0000000000 1140
cttctccatc ttctccttgc agaaggcctt cttgaagtgc tccacgcgcc gcaggccctg 1140
cgcttgatag gctctgcgcg ggactcctca ataacctcct caacctccac cgcctcgtcc 1200
gacgaaagct ccagcgccgc tgctctctcc tcgggcccgc cgccctcgcc cagctcctcg 1260
cctccttct ctggcagcgc ctccgactct ttcagcgatt tgctgatgct cagtttgcc 1320
ggcagcttca cttcatctg gtagatcatg actttaagt tgcgcgccg cagcagctcg 1380
4000000000 0000000000 0000000000 0000000000 0000000000 0000000000 1440
gcctcgttga cctccagctt cttgatctgc ccgcctggc gctccaggct gccgcgacg 1440
gtcttcacgt tgacgtgac cttgcgcacc ttctccagca gcttgctcac cgtattgctc 1500
gtggtggcgt gcgccttgcc cagcttgctc agctcgccct ggatgctctg cactgcgcc 1560
tccatctccg cctgccgctc ctccagctgt gcttgagtca gctggatctg gtctacggcc 1620
ccgatgattt tgtccaggag gctcagcacc agcacgccgt tcacctggtc cgacttgatc 1680
4500000000 0000000000 0000000000 0000000000 0000000000 0000000000 1740
agctcttctg agccggcccc cgacggctcc tccgctgcct gagccccagc ggaggaagct 1740
ccggggcctc ggcatcggg gtaccgggc aagcgccgc 1780

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 64:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1652 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 64

```

15  ctcgagcggc tcgagccgat tcggctcgag cggctcgaga agaagatatg ctagtctgta 60
    tttttgctgt gctattgagg atcaggacaa tgaactaatt accctggaaa taattcatcg 120
    ttatgtggaa ttacttgaca agtatttcgg cagtgtctgt gaactagata tcactcttaa 180
    ttttgagaag gcttatttta ttttgatga gtttcttttg ggaggggaag ttcaggaaac 240
    atccaagaaa aatgtcctta aagcaattga gcaggctgat ctactgcagg aggaagctga 300
20  aacccacagt agtggttctt gaagaaattg gactgacata actctcctcc cttgttgatg 360
    acttcttggt gcatttcaca cactgtagat ggtcactccc ttcatgtcca tgtagctca 420
    tgggtgaaga tgatgtcttg tcagtattac tgttttgcta agccgcttca ttcatgccta 480
    cacaattttt ttttaaaagg gaactttagt taattaagtg ataagggact taaatatgaa 540
    ttagaatggt gcagaaagag ataccttttc tggatatatt aaagttaaaa ggtcagtttc 600
25  tcttaatctg attatgtgca catatgaaaa tggcacatca tatacatgta aaatcaggca 660
    gtatacatatt attaattact gtatttgaca aaggaaactc ttaaattata atgtgaaacc 720
    tgggtttatg aaaccaaaga ctagtgcagc atttcagcat atgtaaaaag aaaaaaaaaa 780
    gggaattgac atgtcacata tcaaatgaat ggaaactttg ttgaaacttt aaaaagcaaa 840
    tttactccaa agacttgatg tggaaattac ataccttttt tttttttttt aaaggactac 900
30  agattatttt taatgactaa attggagtga tacttcttac actaaaaatt atttcttagg 960
    cattctgaat ctgggatgag aaacaggatt gtttcacaat agtaagcaca taatttttaa1020
    ggccaaggca catttgactc ctgagatgaa tttttgtgg tcataatcaa atacttagtt1080
    gtttttgatg ccccaaaaata aagtgagaat ggtaatttgc caggaattct tcataacagt1140
    atcttacaaa aaacgtgttg ctctcttcac agtattatgt gtaaagtcac tgtttaaagc1200
35  acgaatgttc cctctggggt acttggttaa gctaaattta ttttgcttcc ctccacttag1260
    aagtgtcgca cactttacag cagcttcctt tctttccatg gcactgccta gttaacagaa1320
    gtcttataaa aatttaaaaa gacacatttc ttacaaaaaa gagttgaatg aggtaaaatg1380
    gcattagatg gctctatatt ttttaaagct atgtaattgt tcagcgtcac ttttctaagt1440
    acttatacat atctaaacat gtcttcatgg tttatatttt cacttatata tgctgggctg1500
40  gattaagctt tgttgatgatt gtgaccaaca ttcaggccac gtgagcactg tcttatcaca1560
    tcgccaatta gttgtaataa acgttcaacg tacaaaaaaa aaaaaggcg cagcttcctt1620
    ggggggaatt actggaagcg ggttaagcg ga
    1652

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 65:

45

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1085 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

50

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

55

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 65

```

gctccctggc ctccctctca gacagcttgg ggggtgtctgt catggccacc gaccaggact 60
cctactccac cagcagcacg gaggaggagc tggagcagtt cagcagcccc agcgtgaaga 120
agaagccctc catgatcctg ggcaaggctc ggcaaccggt gagctttgcc agtttcagca 180
gcatgttcca cgctttcctc tccaacaacc gcaagctgta caagaagggt gtggagctgg 240
cgcaggacaa gggctcgtac tttggcagcc tgggtgcagga ctacaagggt tacagcctgg 300
agatgatggc gcgcccagcc tccagcacgg agatgtgca ggagattcgc accatgatga 360
cccagctcaa gagctacctg ctgcagagca ccgagctcaa ggccctgggt gaccccggcc 420
tgcaactcga ggaggagctc gaagcaattg tagagtctgc cttgtacaaa tgtgtcctga 480
agcccctgaa ggaagccatc aactcatgcc tgcacagat ccacagcaag gatggttcgc 540
tgcagcagct caaggagaac cagttagtga tcctggccac caccaccact gacctaggtg 600
tgaccaccag cgtgccggag gtgcccatga tggagaagat cctgcagaag ttcaccagca 660
tgcaaaaggc ctactcacct gagaagaaga tctccatcct gctcaagacc tgcaaaactca 720
tctacgactc catggccctc ggcaaccag ggaagcccta tggggcggt gacttctgc 780
ctgtgtcat gtatgtgtg gccgcagca acctcacgga gatgcttctc aatgtggagt 840
acatgatgga gctcatggac cccgccctgc agctggggga gggttcctac tatctgacca 900
ccacctacgg ggccctggag cacatcaaga gctacgacaa gatcacggtg accggcgagc 960
tgagtgtgga ggtgcaggac tccatccacc gctgggagcg ccggcgtaact ctcaacaagg 1020
cccgggcctc ccgctcctcc gtacagccac ttcattctgcg tgctgtacct ggagcccag 1080
cagca

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 66:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1393 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 66

```

gggcagggga gggagttgac gggctgacac aggaaactcc cctgaaacct gtttctcagc 60
ttcccggccc agctggggca cccactggaa ggagaggcca ggcggaagac cctgggtccg 120
tcatggcctc tgccctgagg ccaccccggtg tccccaagcc taagggtgtc ctgccttcac 180
actactatga gagctttcta gagaagaagg ggccctgtga ccgggattac aagaagttct 240
5 gggcaggcct gcagggtctc accatttatt tctacaatag caatcgggac ttccagcacg 300
tgagagaagct caacttgagg gcatttgaga aactcacaga tgagattccc tggggaagct 360
cacgtgaccc tggcaccac ttcagcctga ttctccgaa tcaggagatc aagttcaagg 420
tagagacctt ggagtgtcgg gaaatgtgga aaggcttcat cttaacggtg gtggagctcc 480
gtgtcccagc cgacttgacc ctgcttctctg ggcacctata catgatgtct gaagtcttgg 540
10 ccaaagagga ggcgcgcctg gcactggaga caccctcggtg ctctctgaag gtgagccggc 600
tgagggcaca actgcttctg gagcgtacc ccgagtgcgg gaacctgctg ctgcggccca 660
gcggggacgg cgccgacggt gtcggtcacc acgcggcaga tgcaaacgg gacgcacgtg 720
gtccggcatt acaaggtgaa ggcggagggg ccccaagtac gtgatcgatg tggaacagcc 780
gttctcttgc acctccctgg acgccgtggt caactatttc gtgtcgata ccaaaaaggc 840
15 gctggtgcca ttctgttag acgaggacta cgagaagggtg ctaggctacg tggaaagcca 900
taaggagaat ggcgagaatg tgtgggtggc gccctccgct ccgggcccag gtcctgcacc 960
ctgcacaggt ggccccaagc cgctgtcacc tgcgtctagc caggacaagc tgccccact 1020
gccccacta ccgaaccagg aagagaacta cgtgaccct attggagatg gccagctgt 1080
tgactatgag aaccaagatg tggcttctc tagttggcca gtcctcctga agccaaaga 1140
20 gttgccaaag cctcctgcca agcttccaaa gccaccggtt ggacccaagc cagagccca 1200
agtctttaat ggtggtctgg gcagggaagc tgccagttca gtttcagccc agcctcttct 1260
ttccccacag gccgggctgg gcagacatgg acggcagagt tacagaagaa gctgggagaa 1320
gaggcggggc actggtagca tggtttcgga cacaccaggg accagcgggt tagttccagg 1380
gcgggccagg tgg
1393

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 67:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1248 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

### (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

### (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 67

```

ggcacgagga agttaagatc atacatgcgg atgtgctggt aacctgcaag aagcaatcat 60
gctgcggtcc ggtgtgacct cccaaggcat tcacctggg agtccctggt gctgcacccc 120
aaccagga gagctcatcg tgggtgacca gagcggggct atccacatct gggacttgaa 180
aacagaccac aacgagcagc tgatccctga gcccgaggtc tccatcacgt ccgccacat 240
cgatcccagc gccagctaca tggcagctgt caatagcacc ggaaactgct atgtctggaa 300
5 tctgacgggg gccattggtg acgaggtgac ccagctcatc cccaagacta agatccctgc 360
ccacacgcgc tacgccctgc agtgtcgtt cagccccgac tccacgctcc tcgccacctg 420
ctcggtgat cagacgtgca agatctggag gacgtccaac ttctccctga tgacggagct 480

```

```

gagcatcaag agcggcaacc ccggggagtc ctcccccggc tggatgtggg gctgcgccctt 540
ctcgggggac tcccagtaca tcgtcactgc ttccctcgac aacctggccc ggctctgggtg 600
tgtggagact ggagagatca agagagagta tggcgggcac cagaaggctg ttgtctgcct 660
ggccttcaat gacagtgtgc tgggctaagg tgtgacctct cgggactgcc tgggtgcagg 720
5 ggtggcagct ggagggaccc atgcagcacc caggtcagag cagaccctcc cctgccggcc 780
tgcgccactg gacctgatgg cccctgtgg cgccttgacc tgcctggcca ggctgccctg 840
ggactctcag ccccagttg cttatccaga tgtgacagag ctgcaccaa gccaggctgc 900
acactcctgg actgggctag cctgcaactgc ctgggaaagt cggccgaggg cccaaagctg 960
ctgagggggc tgaggctggg gccaccccc aagctagtgt gttctctgcc cctccctgcc1020
10 cgcgtttcag ggctcgggc catagagaac accaccacca tggccagggtg gaagggttta1080
ttagtccctg ccagcagctg tcctccctgg tgcagggtgg ctggccagcc cactggattg1140
gggacggggc aggtcggggc aggtcggggg ctcagtctgg gaggtataa aagcagaccg1200
acacgcagat gttgctcggg aaaaaaaaa aaaaaaaaa aaaaaaaa 1248

```

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 68:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1099 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

20 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

25 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

35 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 68

```

ctcgtgcaat ttcgggcagg gagtgtcaag cctgttgtct taacattttg tataaaaaag 60
40 aacaacagaa attatctgtc atttgagaag tggcttgaca atcatttgag ctttgaaagc 120
agtcactgtg gtgtaatatg aatgctgtcc tagtgggtcat agtaccaagg gcacgtgtct 180
ccccctggta taactgattt cctttttagt cctctactgc taaataagtt aattttgcat 240
tttgagaaaa gaaacattga ttgctaaatc tttttgctgc tgtgttttgg tgttttcatg 300
tttacttggt ttatattgat ctgttttaag tatgagaggc ttatagtgcc ctccattgta 360
45 aatccatagt catcttttta agcttattgt gtttaagaaa gtagctatgt gttaaacaga 420
ggtgatggca gcccttccct agcacactgg tggagagac cccttaagaa cctgaccca 480
gtgaatgaag ctgatgcaca gggagcacca aaggaccttc gtaagtgtat aattgtcctg 540
gcctctcagc catgaccgtt atgaggaaat atccccatt cgaacttaac agatgcctcc 600
tctccaaaga gaattaaaat cgtagcttgt acagatcaag agaataact gggcagaatg 660
50 aagtatgttt gtttattttt ctttaaaaat aaaggatttt ggaactctgg agagtaagaa 720
tatagtatag agtttgccct aacacatgtg agggccaaat aacctgctag ctaggcagta 780
ataaactctg ttacagaaga gaaaaagggc cgggcacagt ggcttattcc tgtaatccca 840
acactgtgga aggccagggc aggaggatca cttgagtcca ggagtttgaa acctacctag 900
gcaacatggt gaaaccttgt ctctacaaaa ataaaaatta gctgggcatg gtggcacgtg 960
55 cctgtgggtc cagctacttg ggaggctgag gtgggagcct gggagggtcaa ggctgcagtg1020
agccatgatc atgccactgc actccatcct ggggtgacagc aagatcttgt ctcaaaaaaa1080
aaaaaaaaa aagtcgacc 1099

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 69:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 774 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 69

```
tttatggagc ctgtactatg taccagatgc agactgtgct agcgggttggg gatacagtga 60
tgacttggtc tgcctctagg tggcagggag ccattttggg ttttcgaaca gaaaagtga120
ataatgaatg ctgagttctt aggaagatta atccaggagt agtctccagg atgtactgga180
aggagagaag ctgaaaccag ggaggctgct gtgtttgcag ttggctgccc agtgctacct240
ctgcagagac aatcaatgtc ctgaaggtag ctggtatgtc tgtgtgcaact gacacgagcc300
ttcctaccaa gccccagggg ctccatgctg gagaatgcac gtagggctag ggtgagcact360
aacttcactt caggagagca aggaacagtg tggctcttcc atttttcagt tctgtaagca420
catcacctt ttctcctccc cttgagctgt gttctctgac agctgtttgt tggtaaagcc480
agcagccccct aaagcacgtc ccagccttgt ctctctgtg ctttccccca ccactgctgc540
tgcacgcctc atttgctggg ccactttagt ggtggaacca ttagaggctg agtgacttaa600
aggagattga gtctgtctcg accccgagag agagtgggat ggatggatgc atcgtctcat660
ttagaaagtg ttgcctctga ctctaacaca ctcttctctc tttctttacc gccctccctg720
tgtgcgtccc tgggggggagc tgggctaacc cccttccgtc cccctttctc cttc 774
```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 70:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 426 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

5 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 70

```

10 tagctccagt ctcagctgta tcattttcta actgattttt acaataaaaa tgagagtaaa 60
   aatcagttac tctttctaga cattaattag cacatttacg ttaagactct aagtagtata120
   aaatgtaa at tgctgctacc ctactaagtt actgtcagta aatactgtgt gcagtaaatg180
   ttgagtatgg attaatgaa ggatacctct acaattattt cctttagtca aggttgtagc240
   taagaattgg gcttctgaca tacattcttt ttaattcttt tcgtattggg ttttatagca300
15 ctaaactaa tttctaaca atttttacac ctgaaatcta cattctaata taaaggtttt360
   tttttataac gttcctaaaa tttcaggccc tcagcaggca gtttttgtcc cagttttctt420
   caacag                                     426

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 71:

20 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 1417 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 25 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

30 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
 35 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 71

```

gccaaccttc cctcccccaa ccctggggcc gcccagggt tctgcgcac tgctgttcc 60
tctgggtgt cactggcagc cctgtccttc ctagaggac tggaacctaa ttctcctgag 120
45 gctgaggag ggtggagggt ctcaaggcaa cgctggcccc acgacggagt gccaggagca 180
   ctaacagtac ccttagcttg ctttcctcct ccctcctttt tattttcaag ttcttttta 240
   tttctccttg cgtaacaacc ttcttccctt ctgcaccact gcccgtaacc ttaccgcgcc 300
   cgccacctcc ttgctacccc actcttgaaa ccacagctgt tggcagggtc ccagctcat 360
   gccagctca tctcctttct tgctagcccc caaagggcct ccaggcaaca tggggggccc 420
50 agtcagagag cgggcactct cagttgccct ctggttgagt tggggggcag ctctgggggc 480
   cgtggcttgt gccatggctc tgctgaccca acaaacagag ctgcagagcc tcaggagaga 540
   ggtgagccgg ctgcagggga caggaggccc ctcccagaat ggggaagggt atccctggca 600
   gagtctccc gagcagagtt ccgatgccct ggaagcctgg gagagtggg agagatccc 660
   gaaaaggaga gcagtgtca cccaaaaaca gaagaatgac tccgatgtga cagaggtgat 720
55 gtggcaacca gctcttaggc gtgggagagg cctacaggcc caaggatat gtgtccgaat 780
   ccaggatgct ggagtttatc tgctgtatag ccaggtcctg tttcaagacg tgactttcac 840

```

```

catgggtcag gtggtgtctc gagaaggcca aggaaggcag gagactctat tccgatgtat 900
aagaagtatg ccctcccacc cggaccgggc ctacaacagc tgctatagcg caggtgtctt 960
ccatttacac caaggggata ttctgagtgt cataattccc cgggcaaggc cgaaacttaa1020
cctctctcca catggaacct tcctgggggt tgtgaaactg tgattgtgtt ataaaaagt1080
5 gctcccagct tgaagacca ggggtgggtac atactggaga cagccaagag ctgagtatat1140
aaaggagagg gaatgtgcag gaacagaggc gtcttctctg gtttggtctc ccgttctctca1200
cttttccctt ttcattccca ccccttagac ttgtatttta cgatatctt gcttctgttc1260
cccatggagc tccgaattct tgcgtgtgtg tagatgaggg gcgggggacg ggcgccaggc1320
attgttcaga cctggtcggg gccactgga agcatcaga acagcaccac catctaacgg1380
10 ccgctcgagg gaagcaccgc gcgggttggt cgaagtc 1417

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 72:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 15 (A) LÄNGE: 691 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

30

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 72

```

35 ctgccttcg gtgcgtcgtt tacgccagtt tgaaccaaag acgcccagg ttgaggccga 60
gttcagagc atgggtgtct ggttgtccca gccttttgag tcctatatca ctgcgcctcc120
cggataccgc gccgcgccgc ccaaacctgc gcccagct acaccggag cgcgcacctc180
ccagcagaa caccgcctgt tgaagacctg ctggagctgt cgcgtgctt ctgggttggg240
40 gctgatgggg gcgggcgggt acgtgtactg ggtggcacgg aagcccatga agatgggata300
cccccgagt ccatggacca ttacgcagat ggcatcggc ctcagcattg ccacctggg360
tatcgttgtc atggcagacc ccaaaggga ggcctaccgc gttgtttgaa agtaccacca420
gtgaatctgt cttctgtctc tgtcccttc cccgtgacac acagagcagg catggaattt480
aatgggtgtt ctggacagac acttgtacat ggacagacat cactactgtg gatactacaa540
gactgaaaag aaaatcgtat gttgtcattc tctggctatg gagtgtttgt ggccttcaca600
45 gatcacag gaaccaataa atccctcaga gaagtaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa660
aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa a
691

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 73:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 50 (A) LÄNGE: 1705 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 73

```

gattcgccat gaggacagag ccctttttga aaataaattg gcattggagt gttttaccct 60
ctagctgttt tacttagaat gtaacatatg ctgcctaccc acctcaaat gtctgtactg 120
caagagggcc ctgggcctct gctttccata ttcacgtttg gccagagttg tagtcccaaa 180
20 gaagagcatg ggtggcagat ggtagggaat tgaactggcc tgtgcaatgg gcatggagca 240
caaggggtca cagcatgcct cctgccttac cgtggcagta cggagacagt ccagaacatg 300
gtcttcttgc cacggggtgt tgttgtctct ggtggtgctg catgtctgtg gctcaccttt 360
attcttgaag ctgaggttta cctggatctg gctactgagg cttagagcca cagcagaatg 420
gggttgggccc tgtggccccc caaactaggg ggtgtgggtt catcacagtg ttgccttttg 480
25 tctcctaaag atagggatct acttttgaag ggaattgttc ctcccaata aatttgcttt 540
accttgggtcc tttcttttgt gccagtattc aagtgggtata gctctgagca gggtcacatt 600
tgcccaaac tgacactgtc ttgctgcatt ctcttttggc aaacatcagg gtcagaattc 660
aggatagccc ttccataggc actggacttt ctggcatggg ggctgtgttt gcacaagtta 720
ttttcatgtt acctggagag tgtccagagg ctgctctgag gctgagggtg gttccccctt 780
30 gcctgggttc agctgtcaga gggataccat cctagggtct gggaatccaa ggccacgaga 840
ctccttgggt tgtggtccga gatcctgtac taaggagggt ctggccagag gaacagacca 900
gcttttgcac aatgaagcgc aagggaacaa gtggtttgcc tgggtgccta cctgtcctga 960
acctggtcct gtgggccatt gaaaagttag atctgtgatc tctgggggtt ttgtggcttt1020
gttcaatgct tccactctag ggcaggcaga gcagtctata ctctcccaag cctgcttgac1080
35 ctccaagtag agctgataca gagatctgtg aatattgtga tagaaattct ttggtattca1140
tacatttcag ctgcaagtca gcaatttccc aggtaccatg taagctataa aacagtcatt1200
cttaaagaca gaggatagct gtgactcatg ggatcatgag gtccatggct ggttgcagg1260
tccctttttc ctctctcagg ttttgtctct tcctgtgttg tccccagcaa gggagagact1320
gtgggggtgga ttgggagaac agattaggag tatagcaaat gaaccagaa tggaaacagt1380
40 gggagctaac tgtgaatgag gagagtacct gctgcaggac ctggaggtca ggtgtgaat1440
ctgtattggc acagggaata aatatcctgg cgtctggagc cttcacctct ccgtcaagtc1500
cttctctgtg tactgccatg gcacaggatc tgagttgcag ctctgcacc taaatcacac1560
cctgggcatt gtctgggctg cagggctgcc aggttctgta cttgtgtcca gctgtggccc1620
tggtatgccg aaactgggag gggtttcttg tgcccagaat gtagcctgta acgcttgggc1680
45 gccttttaaa gccccccctg ggccc 1705

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 74:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1516 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

10 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 74

```

15 gtttattctt agtagttgga actaatgtag tctgactaaa atacacatgg gtgtctgctc 60
   tgtgatgttt aaacttatct gttttgtttg gttttcattt caggaagcag aagtgcagc 120
   aaagcagcaa gcatgaacct taagcactgt gctttaagca tcctgaaaaa tgagtctcca 180
   ttgcttttat aaaatagcag aattagcttt gcttcaaaag aaataggctt aatgttgaaa 240
   taatagatta gttgggtttt cacatgcaaa cattcaaaat gaatacaaaa ttaaaatttg 300
   aacattatgg tgattatggg gaggagaatg ggatattaac ataaaaattat attaataagt 360
20 agatatcgta gaaatagtgt tgttacctgc caagccatcc tgtatacacc aatgatttta 420
   caaagaaaac acccttcctt ccttctgcca ttactatggc aacttaagtg tatctgcagc 480
   tctacattaa aaaggagaaa gagaaataac ctgtctctca ttcctaagtt gcctcattaa 540
   ttttcatgaa caagaatatg tacctttttg atgctatatt actgcgatta aaaagttctt 600
   gcaggtaatg tttatgatat gttaaacggt gtaatttctt atcgtaatta taacattccc 660
25 attcttttgt agatgaaact tctacatatt gaaccacaga ttttctgagc ttctaaatgt 720
   agcctttcat tgcacatttc agtgatcaga atagatatcc ttttacacgc acaaaagcaa 780
   tagattcatt cagtggacaa gttccttggt taactacaca gctatgatgg aatgatatat 840
   ccaagttcct tgctcagtg aaatatgcat atgtatatca tgaaagtggg atgccaagta 900
   agcttaaaat ggcattctct agcaaagaga ttagactttt aaataactct tataaaacag 960
30 gttggcgatc atttcccaag attgggttcc cttgagtttt tgctaaaaca aatcttagta1020
   gttttgcccg tttaaaacaa ctcacaatcg taaatgctac tattcctaag atatcttacc1080
   tttttatttc agtttagcca tgtattgtat gagtgtatta gtctaagcag tgagaatctt1140
   ttctatgcct ctattccagc aaaaagtaga agtatcaaat aaaaagggca acttttaaaa1200
   tattaagcct gaagacttct aaaaagacaa gaaacatggc ctaaataacc aacatagatt1260
35 tacatagtaa gtttcacact accttattac caaagcaaaa cacctcttac tttaaactac1320
   attatcatgt atatctattg tatgctgggc tttacttttt gccaaaatca acatataatg1380
   aagagatgcc tttgtttcat gagattcaaa cttgatgcta tgcttttaaa taaactcagt1440
   acttttagaa acataaaaaa aaaaaaaaaa aggcgacccc ccgagtagtg ggcccgcgcc1500
   cgggggatttt tccggg                                     1516

```

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 75:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

45 (A) LÄNGE: 1490 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

55

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

5 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 75

```

10 gaataaaggg ctggccagac ccagtggcgt cctttcccag acctttcttg gcacaaagcc 60
   tttgctgcct ggcttgagg ccctgcggcc tacattctct ggacccact atgtgcctgg 120
   caaagggtta gtgccttgag gaaactgagg tagctgggtt ggtccccttc caggaattca 180
   gagtctggtg gcaggggcat gggaaataga cagatgtaat tctatagcct gggcctggca 240
   ccctccacct ccacgccccca ccagcattgc cttacgcctc ccttgcccca cgttagatgg 300
   tttcttccgg ttttgcactc tggctgcccc ttggagtctc ctggggagct gtaatatctc 360
15 tttggagatt cagattgagc tggcttaggt tgtggcccag gcattgggca ttttgaagc 420
   ccccagggtt tttcagcttg cagccaggcc gagagagagc ccctgagtca gatcccatg 480
   gtttaggcac acctagcggg aggggtggct cctggacccc accgtggttg gagagctgag 540
   catgtgtgtg gctttagtgg ggtctgttag ttatgggggt ctgggcaact gagctgcagg 600
   acacttggga tcccaggctc gaaagggcc gatgagcaac taggaaagac ttggggggcca 660
20 gggcgaggat ggggtcacctg acactcttgt gagggccctt ctagtgcctg ctcacaccgg 720
   aatttcattc actccaagaa gccatcaggg gtaagatacc ttcctttaa cgtcactaag 780
   aaagaagagg cctgccggtg acacagtaag atgccattga tctaaagat cgtcttgatt 840
   tcagaaaggt ccggaagtgg aaagcagggt tcagggtgctg tgaggtagac gggtctcctg 900
   taggccccag ggatggtctc aggggtgctg agtgcgtgcg tggtaaattg atggagccca 960
25 ggggcgcctc ctgccagtgt cctccaggca ctcaaacct gccccttctg agccgacctc1020
   acgtgacctc acagcccctc ctgaaggcgc ctactgatg acggtgggtg gaataacagc1080
   ccccagagat gtccagggtt ggaaccccag gacgtgggaa agtggtacct tgcgtggcaal140
   aagggacccg gcgcctgtgc ttcagttcag gatttcgtgg tggggagatg accgtggatg1200
   gttgaggtgg gccctgagta atcatggggg ccttataaag ggaaggggag tcacgaggg1260
30 ctgcgcatga agcaaggaa cttctggctg tgaagatggc aagaaggcct gggggccaggc1320
   gatgaggtgg cccctggagg agctggaaaa ggcattggat tctgccccag agcctccgtg1380
   gaaaaacaaa gccgcactga caagacttca gctgggtgaa aaccattttg gactcctgac1440
   ctctagaact gtaagataat aaattggtgt ggttttcaac ctctcaaatg 1490

```

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 76:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2513 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

40 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

55 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 76

```

ctcgagccga ttcggtttca gcagaaagt atggaaaaag aaactgaaaa gcgcatttct 60
gaaatcgaag atgctgcatt cctggccccg gagaaagcga aacaagatgc tgaatattat 120
5 gctgcacaca aatatgccac ctcaaacaa cacaagttga ccccggaata tctggagctc 180
aaaaagtacc aggccattgc ttctaacagt aagatctatt ttggcagcaa catccctaac 240
atgttcgtgg actcctcatg tgctttgaaa tattcagata ttaggactgg aagagaaagc 300
tactcccct ctaaggaggc tcttgaaccc tctggagaga acgtcatcca aaacaaagag 360
agcacagggt gatgcaagag gtggaaatgt tctccatata aagatgtggc ccaaggggtt 420
10 aagtgggaac aatcattata cggactcttc agatttacag agaacttaca cttcatctgt 480
tccacctctc ctgcgatagt cctgggtgct ccactgattg gaggatagag ccagctgtct 540
gacacacaaa tggcttttct agccacagtc ttatcaagta tcctatatgt attcctttct 600
aaactgctac tcatgaatga ggaaagtctg atgctaagat actgcctgca ctggaatgtt 660
aaacactaaa tatataacaa gctgtgtttt cctaagctga gatctgttga ataagtitta 720
15 cattcgctccc cgggggaaat gtatgctcag ccaccattca agagatgact gagaaggaga 780
tggttaagttc aagaagactg attgcacctg ggacccaggc cctttctttg ggatccagtc 840
ccagccttca tccatgtgat taagatccag gccgctgaag ttcccaggga aatgatcttc 900
cacttgagca accttttact tgatacgatt ccacaccttc tgttttcctg cagtcagggt 960
gggtggcctgc agggacctga gctttgtcac ccaaccagat tcctcataga gattcctaatt 1020
20 cactagtttc ttgtattcat aaactcagag atacagaggg cttggtttga agttgggggtg 1080
agatgaaacc tttgctctga gccaaagctc tggggccttg cattccctgc attgggttgall 1140
tgactgtcag catcactgcc gcagcatgct tgactaaggt acctggtttt agccacagcc 1200
acctccttgt atgttacctt tcagctctgg ccaagagtgg gacagggttt taaccacaaa 1260
taggagcagc atgcaattcc tagtgacttg ctgcacagta ttgtatcata attacaggaal 1320
25 gtttttattt ttaaaaactg atctggggtg tattcatttg ccccatcacc tctgtctaaal 1380
ggcccaagtc ctagggtctg catggtcaca agcacactga tgctccttaa gattgtttat 1440
ctggagccca catagtgtgg aacaaaaagt cacctagaaa gcatccttgg tcatcattgt 1500
ctccttccca cctggcccag agatgcttaa atccaagttg tttctccagc tgtcacctcc 1560
cccaggagat caggattcca ctgacgtcct gggcagccag tgaatttaat tttccatgag 1620
30 aaacaacaga gttaacctgt ggcattagga gacctacttc atgtggacco ttttttctct 1680
tcagttaaac ttttctggag cagtgtgctg cgtagtctgg cctgagtttg tgcagcttgt 1740
taagacaact cttgtgtacg ctatgttgaa gctcaacaaa aaagtcatgg gaccacttct 1800
agaaatcttt cagctgtcag gcctgtcagt ctcatgacag tttgttggtt gtgccaacaa 1860
ctttatttgg gaaaggaaa cccagatttg aatgggtctt tcccctgggc cttatcctat 1920
35 agaggcattt gtaatatgga gaaaataatt tttcattttt gctcatttaa ttctataaat 1980
tctctttata aatgaatttt gtgttcttta gttctcctta aaagaacttt tgaattataa 2040
aaataaaatc tttacctgtc gaattgttgc tgcagatgat tgttgtggaa aatctggatc 2100
attgcctctc gtgctttcat tctagagat gttttatagt tacatgagca aaagctgttg 2160
cccaaaagtg atggccctgg aggcgggctg gaggaacagg gaaatgccgc tgtgaagtct 2220
40 taaagcactt ctgcttaaac tcccatgtgt gaggagtgtg cctccctgtg ccctctcagc 2280
tctgaggctg gccgtcttcc ggggtgttcc ttttgcaaaa tatacactgt aatcttgagt 2340
ctaaatttat atgttgaat gctacctttt ttaaaataag aaactaaata aaattatttt 2400
actatcaaaa aaaaagaaa gggaggggag ggggaggagg gggtaggagg gggggggggg 2460
gagggggggg aggggaatgt ctcgagaggg ggggggtggg ggcgcctcgc agc 2513

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 77:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1962 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 77

```

10 accgacggcc gcccttttgc gtcttttttt tttttacatt tcaaataatat tttattactt 60
   tccatcttag aaagaatatg aaacctgcat gcaatgctaa tggtttctga catgtacata 120
   gcatataaca cagcagtaca atgcggcata tactgggggg cagtgtgtgg agggggcggt 180
   cttaagggtta tatgtacaga ggaaaggcg catggtcac ttagctttcg aaagaggact 240
15 gcaactgttta acattgaaga attacatggg gaatcacaaa tatattgctt tagtactgca 300
   tgttctgttg tggtagaggga aagaaacatg ctttgaaggt tttcccttgt caacagaatg 360
   tgtgtctgta gctgtgtatt gcgcatgtat tcatatattt ttaagttttc tcctaagggt 420
   tttgctgaca gtgttgggaa cctcacatgc ttctgaagca ttaaataattg aacctgtgaa 480
   cctttcagaa atcctcaggt tgggaaagac cccacacctt ctttaaggat catttgtctc 540
20 gccatcacag gatcttgga atgtttccta ggggtgtgtaa aaattaacca ggggggaatg 600
   aagcacattt ttctggcaac caaacttgag ttctcagag aacagatgca gagagacctg 660
   ctctgcttg cccggctaca ggggccactg tggagtcaca ctgaggctgt gaccggccat 720
   aagcccagga gagcccgtgg cagctgtgcc gaggcgccag gacctctaag cggaagcttc 780
   ccaagctagg aatggagcaa cactgcaatg aaatgtgtcc accaagctca ttgttctctc 840
25 cgggcgctta taaagctcag atgtatagt acgtatggac aaatacaaaa aaaaaaaaaa 900
   aaaaaaaaaa aaaaaaagcc tttctttctc acaggcataa gacacaaatt atatatgtt 960
   atgaagcact ttttaccac ggtcagttt tacattttat agctgcgtgc gaaaggcttc1020
   cagatgggag acccatctct cttgtgtccc agacttcac acaggctgct ttttatcaaa1080
   aaggggaaaa ctcatgcctt tcctttttaa aaaatgctt tttgtatttg tccatacgtc1140
30 actatacatc tgagctttat aagcgcccg gaggaacaat gagcttggtg gacacatttc1200
   attgcagtgt tgetccatc ctagcttggg aagcttccgc ttagaggtcc tggcgccctcg1260
   gcacagctgc caggggtct cctgggctta tggccggtca cagcctcagt gtgactccac1320
   agtggccct gttagccggc aagcaggagc aggtctctct gcactctgtc tctgaggaacl1380
   tcaagtttgg ttgccagaaa aatgtgttc attccccct ggttaatttt tacacaccct1440
35 aggaacatt tccaagatcc ttgtatggcg agacaaatga tccttaaaga aggtgtgggg1500
   tctttcccaa cctgaggatt tctgaaaggt tcacagggtc aatatttaat gcttcagaag1560
   catgtgaggt tcccaacact gtcagcaaaa accttaggag aaaacttaaa aatatatgaal620
   tacatgcgca atacacagct acagacacac attctgttga caagggaaaa ccttcaaagc1680
   atgtttcttt ccctcaccac aacagaacat gcagtactaa agcaataatat ttgtgattcc1740
40 ccatgtaatt cttcaatgtt aaacagtgc gtcctctttc gaaagctaag atgaccatgc1800
   gcccttctct ctgtacatat acccttaaga acgcccctc cacacactgc cccccagtag1860
   tacgcaggca ttggtaccgg ctggtgttaa aatggctatg ggacatggtc aggaaccat1920
   ttaggcattg gcattgaggg ttccataatc cgtttctaag ga 1962

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 78:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 788 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 78

```

cgttgccccc gccgcgggcg cgagatggat tccgggtgct ggttggtcgg cggcgagttc 60
gaggactcgg tgttcgagga gaggccggag cggcggtcag gaccgccgc gtcctactgc120
gccaagctct gcgagccgca gtggttttat gaagaaacag aaagcagtga tgatgttgaa180
15 gtgctgactc tcaagaaatt caaaggagac ctggcctaca gacgacaaga gtatcagaaa240
gcactgcagg agtattccag tatctctgaa aaattgtcat caaccaattt tgccatgaaa300
agggatgtcc aggaaggcca ggctcgggtg ctggctcacc tgggtaggca tatggaggcg360
ctggagattg ctgcaaactt ggaaaataaa gcaaccaaca cagaccattt aaccacggta420
ctctacctcc agcttgctat ttgttcaagt ttgcagaact tggagaaaac aattttctgc480
20 ctgcagaaac tgatttcttt gcatacctttt aatccttgga actggggcaa attggcagag540
gcttacctga atctggggcc agctctttca gcagcacttg cgtcatctca gaaacagcac600
agtttcacct caagtgacaa aactatcaaa tccttctttc cacactcagg aaaagactgt660
cttttgtgtt ttctgaaac ctgcctgag agctctttaa tttctgtgg aagggatacg720
25 aggaatggca ggaaaattgg gaagttttgc aaatgtgcca acctggttgg agaaaggggg780
acaggttt 788

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 79:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 299 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 79

```

aacctccctc gaggggaattg atcttcagcc ctcccacctc acaatctaca cagcagcctt 60
gaaggaaaag acgccagact tcagacgtct ctctcctcgc gtctcggaga ccgcggactc120
ccgtaaggtc gcccggtggc cccgatttgt aatgcgggac aaccccgggc gcgggggtga180
tcataggggt ctccaggcgc cgggggtggat gaaggagggt cggggatggg ggggtttgta240
55 aagggggctg tagaaggcgg aaggaaggat gaaatttggg aggggggggg ggggggtcac 299

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 80:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 2263 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

20

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 80

25

attacgacaa ctcttctaca tgtaagaaag gaaaggattt ccctgggaag atttcagtga 60  
 cagtatcaga aacatttgac ccagaagaga aacattccat ggcctatcaa gacttgcata 120  
 gtgaaattac tagcttggtt aaagatgtat ttggcacatc tgtttatgga cagactgtaa 180  
 ttcttactgt aagcacatct ctgtcaccaa gatctgaaat gcgtgctgat gacaagtttg 240  
 30 ttaatgtaac aatagtaaca attttgagcag aaaccacaag tgacaatgag aagactgtga 300  
 ctgagaaaat taataaagca attagaagta gctcaagcaa ctttctaacc tatgatttga 360  
 cccttcggtg tgattattat ggctgtaacc agactgcgga tgactgcctc aatggtttag 420  
 catgcgattg caaatctgac ctgcaaaggc ctaaccaca gagcccttc tgcgttgctt 480  
 ccagtctcaa gtgtcctgat gcctgcaacg cacagcaca gcaatgctta ataaagaaga 540  
 35 gtgggtgggc ccctgagtgt gcgtgcgtgc cgggctacca ggaagatgct aatgggaact 600  
 gccaaaagtg tgcatttggc tacagtggac tcgactgtaa ggacaaattt cagctgatcc 660  
 tcactattgt gggcaccatc gctggcattg tcattctcag catgataatt gcattgattg 720  
 tcacagcaag atcaataaac aaaacgaagc atattgaaga agagaacttg attgacgaag 780  
 actttcaaaa tctaaaactg cggctcgacag gcttcaccaa tcttgagca gaagggagcg 840  
 40 tctttcctaa ggtcaggata acggcctcca gagacagcca gatgcaaat ccctattcaa 900  
 gacacagcag catgcccgc cctgactatt agaatacata gaatgtggaa cccgccatgg 960  
 cccccaacca atgtacaagc tattatttag agtgtttaga aagactgatg gagaagtga 1020  
 caccagtaaa gatctggcct cgggggtttt tcttccatct gacatctgcc agcctctctg 1080  
 aatggaagt gtgaatgttt gcaacgaatc cagctcactt gctaaataag aatctatgac 1140  
 45 attaatgta gtagatgcta ttagcgcttg tcagagaggt gggtttcttc aatcagtaca 1200  
 aagtactgag acaatgggta ggggtgtttt cttaattctt ttcttggtag ggcaacaaga 1260  
 accatttcca atctagagg aagctcccca gcattgcttg ctctgggca aacattgctc 1320  
 ttgagttaag tgacctaat cccctgggag acatacgcat caactgtgga ggtccgaggg 1380  
 gatgagaagg gatacccacc acctttcaag ggtcacaaag tcactctctg acaagtcaga 1440  
 50 atagggacac tgcttctatc cctccaatgg agagattctg gcaacctttg aacagcccag 1500  
 agcttgcaac ctagcctcac ccaagaagac tggaaagaga catatctctc agctttttca 1560  
 ggaggcgtgc ctgggaatcc aggaactttt tgatgcta atagaaggcct ggactaaaaa 1620  
 tgtccactat ggggtgact ctacagtttt tgaaatgcta ggaggcagaa ggggcagaga 1680  
 gtaaaaaaca tgacctggta gaaggaagag aggcaaggga aactgggtgg ggaggatcaa 1740  
 55 ttagagagga ggcacctggg atccaccttc ttccttaggt cccctctctc atcagcaaa 1800  
 gagcacttct ctaatcatgc cctcccgaag actggctggg agaaggttta aaaacaaaaa 1860  
 atccaggagt aagagcctta ggtcagtttg aaattggaga caaactgtct ggcaagggt 1920

```

gcgagagggga gcttgtgctc aggagtccag ccgtccagcc tcgggggtgta ggtttctgag1980
gtgtgccatt ggggcctcag ccttctcttg tgacagaggc tcagctgtgg ccaccaacac2040
acaaccacac acacacaacc acacacacaa atgggggcaa ccacatccag tacaagcttt2100
tacaatgttt attagtgtcc ttttttattt ctaatgcctt gtctctttaa aagttatttt2160
5 atttgttatt attatttgtt cttgactgtt aattgtgaat ggtaatgcaa taaagtgcct2220
ttgttagatg gtgaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaa 2263

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 81:

## 10 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1284 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## 30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 81

```

aaaaatgggc taaactagct ccagagaact tgtgaattct ttgctaaagc ctctggcaaa 60
aacggcattt gatgaagcaa ttgctgaatt ggatacgctg aatgaagagt cttataaaga 120
cagcactctg atcatgcagt tacttaggga caatctcact ctgtggacat cggaaaacca 180
35 gggagacgaa ggagacgctg gggagggaga gaactaatgt ttctcgtgct ttgtgatctg 240
ttcagtgtca ctctgtaccc tcaacatata tcccttgtgc gataaaaaaa aaaaaaaaaa 300
aaaaaagagt cgtacgtcga ctttcgattt ttcacagcct cagcctagga aaaatggttc 360
atgggataaa cagctggtat ttgtatctaa aactcagatt ggtcacataa atgccacggc 420
attccgaagt tttgattttg attaacattg acaggattac tgtgtgttta attttttaaa 480
40 aactgaacac tgtgattatg gggttttgta atttagcaga actcttactg gtagaaaaaa 540
tagacctgaa ttatgtgtaa ctttttgtaa ggtttaatct gatatacaaa taatcattga 600
aatacaattc cattgtaaag ttgtacagaa agttatagag attatattgt gatgctggaa 660
cttgaggatg gacacacatc atttggcatt tgagttgaat ggtaattcac agtaatgctg 720
ccgttgttcg ggacttaaaag acacttgacc tgtttgggct gttgccactt aaaagttcat 780
45 gaccacaaat gtccacagtg tcttcctctg aggaaactcg aatcctgaaa tggaaattct 840
ttgtggcaga taactggctt atgacacctt gaaaagttca agtgctcata taacacacca 900
cactgaaccc cctttcctac agcaatatgt tcaactatgt accaatttgc aacttgtgct 960
tcaatagtgg aatctacttt cattgttaac actgagctaa agaaaaaaag ccgtgtgttt1020
tatgaatgac cttatctgtt tcctggataa tacctttaag aataatgtcc tgagtcaggc1080
50 gtggtggtgc gtgcatctag tcccaactat ttgggaggct gaggcaggag gatcgcttgall140
gccaggagt ttaaagctgc agtgccctgt gggtgcacct gtgaataact gcactccagc1200
ctgggcaaca tagcgagacc tcatctccaa aaaagaaaaa aacacaaaaa gatgtgtctg1260
taagaggctt ccttggggga ccag 1284

```

## 55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 82:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1335 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 82

```

gggtgacata atgacaggtt aaatatttgt gattcattga ttaaataatta tttaaagaaa 60
tgtaaattca caataagggt tgaaaattat ttggtttcat ccattgtctc ttatttcagg 120
25 accaagcagc aaactgcagt agtttgtgaa ggatttcaat atgggggttca ggaatagcct 180
ctcaacgcta ctaattcaga tctctcccag agaactactg gatttcctca taattgacaa 240
acatgagtga ccacctcttt gggtggctac tgtagaaaat ggctgttgtc atgttttctg 300
gactttgccca gccaacagat ccctgccagg ttttggaat acttctatta cctcgctgct 360
acttttctgc agggataaaa cttttgaggt ggccagacc agaacatcca aggattcctg 420
30 ttacagtgtc acagtataca ctgctcatth atcctattct catgtgcttt cttctttagt 480
aagattattt taagaaaata agtgatattt aaagtccaaa gaggaatgat cacagtgtga 540
taaggggtgt tttccactt gaactctgat gtcagtcgac tgtgggtcag agctacaacc 600
atctgtttgg tttgatgttt tgggtggtta cttacggagt ggggatagtg tgagacctaa 660
ttccctgtgc aaatgtctct tattccagaa atgtgcattt tgcatctat aagcaagaaa 720
35 tatgggcata gcagctcttg gtttaaagtt tgccataacc tgttcattgt tgttttaagc 780
tcaggtaaaag ataacctcct ctttctatga ctccagttc cattcagggt atagtattat 840
tcaatagtgt attttctttt taagctgggc aataaattga tgtttccaga tggtaacatg 900
ggagagggca tataggataa agatgagcaa attctaccct aaaaatgttc tagtagttca 960
caggaagaag atgaggttta ataacttca aggtaattct agattgacat tttgagggga1020
40 aaatgggtct ttgttctagt tgaagtgagc agagaaggct ataaattaat atgtaactta1080
cagcattcca gaggttaaaa ataactgatg cagatgtact tcttcagtgt gattcttcag1140
atcaaacttt tacttttggc atagttaatt tcagaaaaat gtgctgtatg tgtgtgtgtal200
tgagggttgg tcttgctgat ctttcagtta gctctaaatt ctggcaactc cttgtaattc1260
ccatgtattt gataccatga accaatcatg ttgaatgcgt ttggtgatct ggggagcctc1320
45 ccccgctcttc ccagg 1335

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 83:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1890 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 83

```

15  ggcttgtggc ggctctgcca caggggcagg tgttgagggg ctcccgggcc ggctgccgcc 60
    gctccccgc tccggacccg gggctcccc tagcgccgct gaggagccgc ctctgcggtc 120
    caggagggcg caggagcggg actgagagcg cctggaggct cgagcagagg atagaaggac 180
    aaggacagaa tcaccagcac tggctgaagg taccttaaca tggggaatct tcttaaagtt 240
    ttgacatgca cagaccttga gcaggggcca aattttttcc ttgattttga aaatgccag 300
20  cctacagagt ctgagaagga aatttataat caggtgaatg tagtattaaa agatgcagaa 360
    ggcattcttg aggacttgca gtcatacaga ggagctggcc acgaaatacg agaggcaatc 420
    cagcatccag cagatgagaa gttgcaagag aaggcatggg gtgcagttgt tccactagta 480
    ggcaaattaa agaaatttta cgaattttct cagaggttag aagcagcatt aagaggtctt 540
    ctgggagcct taacaagtac cccatattct cccaccagc atctagagcg agagcaggct 600
25  cttgctaaac agtttgagaa aattcttcat ttcacactcc ggtttgatga actcaagatg 660
    acaaatcctg ccacacagaa tgatttcagc tattatagaa gaacattgag tcgtatgagg 720
    attaacaatg taccggcaga aggagaaaat gaagtaaata atgaattggc aaatcgaaatg 780
    tctttgtttt atgctgaggg aactccaatg ctgaaaacct tgagtgatgc cacaacaaaa 840
    tttgtatcag agaataaaaa tttaccaata gaaaatacca cagattgttt aagcacaatg 900
30  gctagtgtat gcagatgcat gctggaaaca ccggaataca gaagcagatt tacaaatgaa 960
    gagacagtgt cattctgctt gagggtaatg gtgggtgtca taatactcta tgaccacgta1020
    catccagtgg gagcatttgc taaaacttcc aaaattgata tgaaagggtg tatcaaagtt1080
    cttaaggacc aacctcctaa tagtgtggaa ggtcttctaa atgctctcag gtacacaaca1140
    aaacatttga atgatgagac tacctccaag caaattaaat ccatgctgca ataacaattc1200
35  tggaataagc acctgctgta gacagaagac agtattctgc aatgactgag aatgcagttt1260
    tttagtattt gcaattacta tctcatttat tcttgctttt atttctttcc tctgttcctc1320
    ttccctcttt tttaatcatg ttcttaagac ttcttttctg tgccaaaatc agtaaagtta1380
    cactctgaag ggatatcatc ctttcaaacy ggccatctaa ggcagctaat tatgcattgc1440
    attggggtct ctactgagaa aaattctgtg acttgaacta aatattttta aatgtggatt1500
40  ttttttgaaa ctaattattta atattgcttc tcctgcatgg caaaactgcc tattctgcta1560
    tttaaaaacc ctcaatgact ttattttcta ctgccgcctt tttcatgtgc aaccaaaatg1620
    aaaatgttta aattaactgt gttgtacaaa tgggtaccaa cacaaacttt ttttaaatta1680
    gtaatacttt tgtttaaagt ttttaagttg cattttgact ttttttgtaa ggatgtatgt1740
    tgtgtgttta acctttatta actaacgtta aaagctgtga tgtgtgcgta gaattattacg1800
45  tatgcatgtt catgtctaaa gaatggctgt tgatgataaa ataaaaatca gctttcattt1860
    ttctaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa
                                     1890

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 84:

50

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1829 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 84

```

15  gaccaacctg acgcagatcg agctgcgggg caaccggctg gagtgcctgc ctgtggagct 60
    gggcgagtgc ccactgctca agcgcacggc ttggtggtgg aggaggacct gttcaacaca 120
    ctgccaccocg aggtgaagga gcggtgtgtg agggctgaca aggagcaggc ctgagcgagg 180
    ccggcccgagc acagcaagca gcaggaccgc tggccagtcc tcaggcccgagg aggggcaggc 240
    ctagctttctc ccagaactcc cggacagcca ggacagcctc gtggctgggc aggagcctgg 300
20  ggccgcttgtg gagtgcaggcc agagcgagag gacagtatct gtggggctgg ccccttttct 360
    ccctctgaga ctacagtcct ccagggaag tgcttgtgga ggagagcaag tctcaagagc 420
    gcagtatttg gataatcagg gtctcctccc tggaggccag ctctgcccc a ggggctgagc 480
    tgccaccaga ggtcctggga ccctcacttt agttcttggg atttattttt ctocatctcc 540
    cacctccttc atccagataa cttatacatt cccaagaaaag ttcagcccag atggaagggtg 600
25  ttcagggaaa ggtgggctgc cttttccctt tgccttatt tagcgatgcc gccgggcatt 660
    taacaccacac ctggacttca gcagagtggg ccggggcgaa ccagccatgg gacggtcacc 720
    cagcagttgcc gggctgggct ctgctgtgag gtccacggga gagcaggcct ccagctggaa 780
    aggccaggcc tggagcttgc ctcttcagta tttgtggcag ttttagtttt ttgttttttt 840
    ttttttaaat aaaaaacaat ttttttaaaa aaaaaagctt tgaaaatgga tggtttgggt 900
30  attaaaaaga aaaaaaaaaa ttaaaaaaaaa aaagacacta acggccagtg agttggagtc 960
    tcagggcagg gtggcagttt cccttgagca aagcagccag acgttgaact gtgtttcctt 1020
    tccctgggag cagggtgcag ggtgtcttcc ggatctggtg tgaccttggg ccaggagttc 1080
    tatttgttcc tggggagggg gttttttttg gtgtcttggg ttctttctcc tccatgtgtc 1140
    ttggcaggca ctcatctctg ttggtgtcgg ccagagggaa tgttctggag ctgccaaggaa 1200
35  gggaggagac tcgggttggc taatccccgg atgaacgggt ctcatttcgc acctccccct 1260
    ctctgtgcctg ccctgcctct ccacgcacag tgttaaggag ccaagaggag ccacttcgcc 1320
    cagactttgt tccccaccg cctgcggcat ggggtgtgtc agtgccaccg ctggcctccg 1380
    ctgcttccat cagccttgtc gccacctggg ccttcattgaa gagcagacac ttagagggtg 1440
    gtcgggaatg gggaggtcgc ccctgggagg gcaggcgttg gttccaagcc ggttcccgtc 1500
40  cctggcgccct ggagtgcaca cagccagctg ggcacctggg ggctggaagc caccctgctt 1560
    tagatcactc ggggtccccc cttagaaggg tccccgcctt agatcaatca cgtggacact 1620
    aaggcacgtt ttagagtctc ttgtcttaat gattatgtcc atcgtctgt cgtccattt 1680
    gtgttttctg cgtcgtgtca ttggatataa tcctcagaaa taatgcacac tagcctctga 1740
    caaccatgaa gcaaaaatcc gttacatgtg ggtctgaact tgtagactcg gtcacagtat 1800
45  caaataaaat ctataacaga aaaaaaaaaa

```

1829

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 85:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

50

(A) LÄNGE: 2358 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 85

```

cgaaacgccg cggagtgagg cagttccgct ggctagtgtg tacgcggcga gcttctcccg 60
gcgcgcgcgc ctccggctccc atagcgcccc cgacagggtc cggacgcgcg ccgaacatgg 120
actccgcgcg ccaagatata aacctgaatt ctccatacaa aggtctgctg tctgactcca 180
tgacggatgt tcctgtcgac acagggtgtg ctgcccggac tcctgctgtt gagggctctga 240
cagaggctga ggaggaggag ctccagggtg agcttaccac ggtggaagag gaaattgtca 300
ctctgcgcga ggtcctggca gccaaaggaga ggcaactgtg agagctcaag aggaggctgg 360
gcctctccac cctgggggag ctgaaacaga acctgtccag gagctggcat gacgtgcagg 420
tctctagcgc ctatgtgaaa acttctgaga aacttgagag gtggaatgag aaagtgaccc 480
agtcagacct ctacaagaag actcaggaaa ctctttcaca ggcaggacag aagacttcag 540
ctgccctgtc cacagtgggc tctgccatca gcaggaagct tggagacatg aggaactctg 600
cgaccttcaa gtcgtttgag gaccgagttg ggaccataaa gtctaagggt gtgggtgaca 660
gagagaacgg cagtgacaac ctcccttccct cagcggggag tggtgacaag cccctgtcgg 720
atcccgaccc tttctaagcc tgtggttgc taccgcgtg cagagcacac gcaaccacgc 780
ctcagcatca cagccgcagc tctgttcagc ggagcagcca gccagggcgg atgagcagag 840
ccggccctga ggacagtcct gcccatccac gcggagatgt ggctgcgcg tttgcatgaa 900
tttgaagaac acaggcttgt acacagatgt tttacactca cgtttgtaga tgaacacagat 960
tactgtgctg tccttccctg ggtgacagga agtgagcagg gcggagggtt tgaagaata1020
ttgagccaaa gcccaggctc cctttgggaa tcatgttagc ccatcagaat gttgaaggat1080
tgaagagttc taagcataaa ataagtggca tttctgact tcttccctct cctccttccc1140
tgactcacag aaggaatgca atcaccacgc aagtcctacc tgttaacgaa ttttttatct1200
caaaatgccg aacgagaaaa ctgtccattt tctgagaccc ccagaaagga aactgaccct1260
cagcagctgc ctgattgtta cgcgaatcta gctttaacgg aagcaaattc attatTTTTT1320
aaatgcagtg gacttttcaa aaagttaa ttaggcaaa cagctttagc ctcatagaat1380
attatttctt tggactcaag ctgaaataca agccttacat tgccttatgc tttatttctt1440
tctaattttt atatgtatat agatgagggt tccttaatgg ttgtgagcat tgtgtggaat1500
tttacacctg gcctgcgtgg cagcctcttc cagttgaggt gttttatgtc acgcacactc1560
catcccagtg tacaaaacct gcttctcttc tcaaccgtgg cagctcccgc tggctcctat1620
gccctgccct aaagggtctc tgagcctctg ggaatgggag gggccaagag aaggaaaacc1680
ctgtcttttag caccctttaa aagaactgtg ccccccttct cagtgtctgc tttgcatggg1740
cctggcccgg ctgcatttcg tcagtgaact caaccctcct gcttgtctga cttgggatga1800
aacgacccca caggtcaggt ggagggtggg gcgtgggcat cagccaggat tgccgttaca1860
gtctttttct caggagctac aaagatctct tcctgttact aaatggtcgc accccagcag1920
cctctctcgc acaccggggc cctgcatgtc agatggcgtg gtctgcaggg ggagctctgt1980
gccttagtgg ctcttggcag gacactgagg gcctgcctgt ggtgtgcccg gctctgccac2040
tcccgggagg ggaagggtct ctcagctcaa ggtgtcctgt tcggtagagc aagtgtcctc2100
tgacagccgt gtccccggac agttcagaca cccttgggga tggcactcca cacacgacag2160
agatgcaggg gccagggaag cccagcgctc ggtgcccttc gtccagggtt aaaatcgccc2220
tgtggggtgt ggtgagaagg caggtgtgtc ggtgtgtgac cgatgtatct tttccttaaa2280
gttattataa taatgggtaa tttgtcaata aagcattcct ttgggggaaa aaaaaaaaaa2340
aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa
2358

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 86:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1646 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 86

```

20  cagctgcgga  actgcgcgat  tgtggttccc  gccgtatttc  ccgttcccca  tctagtaact  60
    cccatctcag  cccacgtatc  tccctgagtg  gaaatctcgg  gccccagacc  agtcgattgg  120
    gaggtccgcc  ctccccttca  gcgacttggt  ctgtgttttg  gcagttgccg  cgacaacagt  180
    cacttccggg  aaggggggtc  gcgaatctcc  ttccgctcgg  ccgctcagaa  tcagctgtcc  240
    tctcagactg  tgtgggtggt  ttccccggcc  gcagctccgt  acgggcttgg  attgctgggc  300
25  ctcggtgcac  cccagcctcc  cccactcggg  ttctgagctt  gagctggcgg  ctctttaact  360
    ctgcttcact  gttgctcttg  gcaacatcca  ctccgggag  cgagtgcctg  ttccccgct  420
    caccgcgggc  tagggagcgt  gggattccgg  actgtgagcg  gctgttagtg  cgtcgcagct  480
    gctggcgatc  cggcgaccct  cggccggcag  gaccgcggg  ccacgcagcc  ggggccttct  540
    caacgcctca  gtacctcggc  gggaccgcca  tggttctgct  gcacgtgaag  cggggcgacg  600
30  agagccagtt  cctgctgcag  gcgcctggga  gtaccgagct  ggaggagctc  acggtgcagg  660
    tggcccggtt  ctataatggg  cggctcaagg  tgcagcgctt  ctgctcagaa  atggaagaat  720
    tagccgaaca  tggcatattt  ctccctccta  atatgcaagg  actgaccgat  gatcagattg  780
    aagaattgaa  attgaaggat  gaatggggtg  aaaaatgcgt  acccagcgga  ggtgcagtg  840
    ttaaaaagga  tgatattgga  cgaagggaat  ggcaagctcc  aaatgagaag  atgaagcaag  900
35  tggttaaagaa  gactatagaa  gaagccaaag  caataatatc  taagaaacaa  gtggaagccg  960
    gtgtctgtgt  taccatggag  atggtgaaag  atgccttgga  ccagcttcga  ggcgcggtga  1020
    tgattgttta  ccccatgggg  ttgccaccgt  atgatcccat  ccgcatggag  tttgaaaata  1080
    aggaagactt  gtcgggaaca  caggcagggc  tcaacgtcat  taaagaggca  gaggcgcact  1140
    gtggtgggca  gccaaaggag  tgagaagaac  gaagaagctt  tcagactacg  tggggaagaa  1200
40  tgaaaaaacc  aaaattatcg  ccaagattca  gcaaagggga  caggagctc  cagcccagag  1260
    gcctattatt  agcagtggag  agcagaagca  gctgatgctg  tactatcaca  gaagacaaga  1320
    ggagctcaag  agattggaag  aaaatgatga  tgatgcctat  ttaaactcac  catgggcgga  1380
    taacactgct  ttgaaaagac  attttcatgg  agtgaaagac  ataaagtgga  gaccaagatg  1440
    aagttcacca  gctgatgaca  cttccaaaga  gattagctca  cctttctcct  aggcaattat  1500
45  aatttaaaaa  aaaaaaaaag  gccatttact  gccctctgta  aaagatgtta  acatttctag  1560
    ttttctttta  gtgtgaattt  ttaaaatagc  agttattcaa  ggttttagaa  cttaataaat  1620
    acctagtcag  aagaaaaaaa  aaaaaa  1646

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 87:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 3096 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 87

```

gcgggtgacg cgacgacggc tcgacacttt gctacggagt gcatcggacg tcgaagccta 60
gagtctctgc gtctttccct cttccgctgc ctcattcctt tccttcctag ccttggtcgt 120
cgccgccacc atgaacaaga agaagaaacc gttcctaggg atgcccgcg cctcggcta 180
cgtgccgggg ctgggccggg ggcgcactgg cttcaccacg cggtcagaca ttgggcccgc 240
ccgtgatgca aatgaccctg tggatgatcg ccatgcaccc ccaggcaaga gaaccgttgg 300
ggaccagatg aagaaaaatc aggtcgctga cgatgacgac gaggatctaa atgacaccaa 360
ttacgatgag tttaatggct atgctgggag cctcttctca agtggaccct acgagaaaaga 420
tgatgaggaa gcagatgcta tctatgcagc cctggataaa aggatggatg aaagaagaaa 480
agaaagacgg gagcaaaggg agaaagaaga aatagagaaa tatcgtatgg aacgccccaa 540
aatccaacag cagttctcag acctcaagag gaagttggca gaagtcacag aagaagagt 600
gctgagcatc cccgaggttg gcgatgccag aaataaacgt cagcggaaac cacgctatga 660
gaagctgacc cctgttcctg acagtttctt tgccaaacat ttacagaccg gagagaacca 720
tacctcagtg gatccccgac aaactcaatt tggaggtctt aacacaccct atccaggtgg 780
actaaacact ccataccag gtggaatgac gccaggactg atgacacctg gcacagtgag 840
ctggacatga ggaagattgg ccaagcgagg aacactctga tggacatgag gctgagccag 900
gtgtctgact ccgtgagtgg acagaccgtc gttgaccca aaggctacct gacggattta 960
aattccatga tcccgcaca cggaggagac atcaatgata tcaagaaggc gcgactgctc1020
ctcaagtctg ttcgggagac gaaccctcat caccgccag cctggattgc atcagcccgc1080
ctggaagaag tcactgggaa gctacaagta gctcggaacc ttatcatgaa ggggacggag1140
atgtgcccc aagatgaaga tgtctgctg gaagcagcca ggttgacgcc tggggacaca1200
gccaaggccg tggtagccca agctgtccgt catctccac agtctgtcag gatttacatc1260
agagccgcag agctggaac ggacattcgt gcaaagaagc gggttcttcg gaaagccctc1320
gagcatgttc caaactcggg tcgcttggtg aaagcagccg ttgagctgga agaacctgaa1380
gatgctagaa tcatgctgag ccgagctgtg gagtgtgcc ccaccagcgt ggagctctgg1440
cttgctctgg caaggtgga gacctatgaa aatgcccgca aggtcttgaa caaggcgcgg1500
gagaacattc ctacagaccg acatatctgg atcacggctg ctaagctgga ggaagccaat1560
gggaacacgc agatggtgga gaagatcatc gaccgagcca tcacctcgct gcgggccaac1620
ggtgtggaga tcaaccgtga gcagtggatc caggatgccg aggaatgtga cagggtctgg1680
agtgtggcca cctgccaggc cgtcatgcgt gccgtgattg ggattgggat tgaggaggaa1740
gatcggaaac atacctggat ggaggatgct gacagtgtg tagcccaaa tgccctggag1800
tgtgcacgag ccattctacg ctacgccctg cagggtgtcc ccagcaagaa gagtgtgtgg1860
ctgcgcgcgc cgtacttcga gaagaaccat ggcactcggg agtccctgga agcactcctg1920
cagagggtct tgcccactg ccccaaagca gagggtgctg ggctcatggg cgccaagtcc1980
aagtggctgg caggggatgt gcctgcagca agagcatcc tggccctggc cttccaggcc2040
aaccccaaca gtgaggagat ctggctggca gccgtgaagc tggagtccga gaatgatgag2100
tacgagcggg cccggaggct gctggccaag gcgcggacag tgccccacc gcccggtgt2160
tcatgaagtc tgtgaagctg gagtgggtgc aagacaacat caggcgagcc caagatctgt2220
gcgaggaggc cctgcggcac tatgaggact tccccaaagt gtggatgatg aaggggcaga2280
tcgaggagca gaaggagat atggagaagg cgcggaagc ctataaccag gggttgaaga2340
agtgtcccca ctccacacc ctgtggcttt tgcctctcgc gctggaggag aagattgggc2400
agcttactcg agcacgggcc attttgaaa agtctcgtct gaagaacca aagaaccctg2460
ggctgtggtt ggagtccgtg cggctggagt accgtgcggg gctgaagaac atcgaaata2520
cactcatggc caaggcgctg caggagtgcc ccaactccgg tatcctgtgg tctgaggcca2580

```

tcttcctcga ggcaaggccc cagaggagga ccaagagcgt ggatgccctg aagaagtgtg2640  
 agcatgaccc ccatgtgctc ctggccgtgg ccaagctgtt ttggagtcag cggaagatca2700  
 ccaaggccag ggagtgggtc caccgactg tgaagattga ctcgacctg ggggatgcct2760  
 gggccttctt ctacaagtgt gagctgcagc atggcactga ggagcagcag gaggaggtga2820  
 5 ggaagcgctg tgagagtga gagcctcggc atggggagct gtggtgcgcc gtgtccaagg2880  
 acatcgccaa ctggcagaag aagatcgggg acatccttag gctggtggcc ggccgcatca2940  
 agaacacctt ctgattgagc ggttgccatg gccggtctcc gtggggcagg gttgggccc3000  
 atgtggaagg gctctgagct gtgtcctcct tcattaaaag tttttatgtc tcgtgtcaga3060  
 aaaaaaaga aaagaaaaa gggggcgccc gggggc 3096

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 88:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1906 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 88

gcgctcgctg aggcaagagg agggcactcg gccgcggcct gacagggact tagccacag 60  
 agaccggccc gcgcgcgcga cccacacccc acccactcgt ccacctaccc actccccgog 120  
 ccgcctcctc ccaccttgag cagagccacc gaggatgata aacacccagg acagtagtat 180  
 tttgccgttg agtaagtgtc cccagctcca gtgctgcagg cacattgttc cagggcctct 240  
 gtggtgctcc tgatgccctc caccactgt cgaagatccc cgggtggcga gggggcgcca 300  
 40 gggatccttc tctctcagct ctaatatata aggacgagaa gctcactgtg acccaggacc 360  
 tccctgtgaa tgatggaaaa cctcacatcg tccacttcca gtatgaggtc accgaggtga 420  
 aggtctcttc ttgggatgca gtccgtgtcca gccagagcct gttttagtaa atcccagatg 480  
 gattattagc tgatgggagc aaagaaggat tgtagcact gctagagttt gctgaagaga 540  
 agatgaaagt gaactatgtc ttcattctgtc tcagggaagg ccgagaagac agagctccac 600  
 45 tcttgaagac cttcagcttc ttgggctttg agattgtagc tccaggccat ccctgtgtcc 660  
 cctctcgccc agatgtgatg ttcattggtt atcccctgga ccagaacttg tccgatgagg 720  
 actaatagtc atagaggatg ctttacccaa gagccacagt gggggaagag gggaaagttag 780  
 gcagccctgg gacagacgag agggctcctc gctgtctagg gaaggacact gaggggctca 840  
 gggtaggggt tgccatttgt gttctcggag ttgactcgtt gaaattgttt tccataaaga 900  
 50 acagtataaa catattatc acatgtaatc accaatagta aatgaagatg tttatgaact 960  
 ggcattagaa gctttctaaa ctgcgctgtg tgatgtgttc tatctagcct aggggaggac1020  
 attgcctaga gggggaggga ctgtctgggt tcaggggcat ggccctggagg gctggtgggc1080  
 agcattgtca ggctcagggt tccctgctgt ttgctttctg ttttggttat taagacttgt1140  
 gtattttctt tctttgcttc ctgtcaccoc aggggctcct gagtataggc ttttcagtcoc1200  
 55 ctgggcagtg tccctgagtt gttttttgac actcttacct gggcttctct gtgtgcattt1260  
 gcgtctggcc tggagtaagc aggtccgacc cctccttctt tacagcttag tgttattctg1320  
 gcatttggtt aagctggctt aatctgttta atgttatcag tacattttta ataggggcat1380

```

tgaattttac tcccaccacc agggcctttt tgggggatgc ctgggccttt aaaacactag1440
ccaaactcta attaatcttc aaatcactgc caggagtctt tgctcctggc tgcaggccca1500
ggccccaagg tctccttctt ggggtcacaa acagcagtaa ggaagaggaa tatatagcaa1560
ctcagggcct gggaattgtg gggcaatccg ttcttaggga ctggatactt ctggctggct1620
5  gagtatagta ctagctgcct ccccaccagg ttccgagtag tgtctgagac tctgctctgc1680
agggcctagg gtagcgctgg gagtgtagaa gtggcctgcc cttaactgtt ttcactaaac1740
agctttttct aaggggagag caagggggag agatctagat tgggtgaggg ggacggggat1800
gtcaggggagg caagtgtgtt gtgttactgt gtcaataaac tgatttaaag ttgtaaaaaa1860
aaaagaaagg gggggggtgg aggggagggg gggggaaaag aaaaaa 1906

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 90:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 349 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 90

```

gctaagagga caagatgagg cccggcctct catttctct agcccttctg ttcttccttg 60
gccaagctgc aggggatttg ggggatgtgg gacctccaat tcccagcccc ggcttcagct120
ctttccagg tggtgactcc agctccagct tcagctccag ctccaggteg ggctccagct180
ccagccgcag cttaggcagc ggaggttctg tgtcccagtt gttttccaat ttcaccgget240
ccgtggatga ccgtgggacc tgccagtgtc ctgtttccct gccagacaac aactttcccg300
40 tggacagagt ggaacgttgg aattcacagc tcatagttat ttctcagag 349

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 91:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2142 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 91

```

cagacccaga aagtagtgac cagccctcct cggattaccc ttcattggct cctcccttgc 60
gccgcccacc ctccagattt gcataaaaaa ggccaagaaa actctggctg tgccccagca 120
acggctcatt ctgctccccc gggctcggagc cccccggagc tgcgcgcggg cttgcagcgc 180
ctcgcccgcg ctgtccctcc ggtgtcccgc ttctccgcgc ccagccgcgc ggctgccagc 240
ttttcggggc cccgagtcgc acccagcgaa gagagcgggc ccgggacaag ctcgaaactcc 300
ggcgcgctcg ccttcccccg gctccgctcc ctctgcccc tgggggtcgc gcgcccacga 360
tgctgcaggg ccttggtctg ctgctgctgc tcttccctgc ctgcactgc tgcttgggct 420
cggcgcgcgc gctcttccctc tttggccagc ccgacttctc ctacaagcgc agaattgcaa 480
gccccatccc gccaacctgc agctgtgcca cggcatcgaa taccagaaca tgcggctgcc 540
caacttgctg ggccacgaga ccatgaagga ggtgtggag caggccggcg cttggatccc 600
gctggatcat aagcagtgcc acccgacac caagaagttc ctgtgctcgc tcttccccc 660
cgtctgcctc gatgacctag acgagaccat ccagccatgc cactcgctct gcgtgcaggt 720
gaaggaccgc tgcgccccgc tcatgtccgc cttcggttcc ccttgccccg acatgcttga 780
gtgcgaccgt ttccccagc acaacgacct ttgcatcccc ctgcctagca gcgaccacct 840
cctgccagcc accgaggaaag ctccaaaagt atgtgaagcc tgcaaaaata aaaatgatga 900
tgacaacgac ataattgaaa cgctttgtta aaatgatttt gcactgaaa taaaagttaa 960
ggagataacc tacatcaacc gagataccaa aatcatcctg gagaccaaga gcaagaccat1020
ttacaagctg aacggtgtgt ccgaaaaggga cctgaagaaa tcggtgctgt ggctcaaaga1080
cagcttgtag tgcacctgtg aggagatgaa cgacatcaac gcgccctatc tggctcatggg1140
acagaaacag ggtggggagc tggatgacac ctccgtgaag cgggtggcaga aggggcagag1200
agagttcaag cgcattctcc gcagcatccg caagctgcag tgctagtccc ggcatcctga1260
tggctccgac aggcctgctc cagagcacgg ctgaccattt ctgctccggg atctcagctc1320
ccgttcccca agcacactcc tagctgctcc agtctcagcc tgggcagctt cccctgcct1380
35 tttgcaggtt tgcattccca gcatttctg agttataagg ccacaggagt ggatagctgt1440
tttcaacctaa aggaaaagcc caccggaatc ttgtagaaat attcaaacta ataaaatcat1500
gaatatTTTT atgaagttaa aaaatagctc actttaagc tagttttgaa taggtgcaac1560
tgtgacttgg gtctggttgg ttgttgttgg ttgttttgag tcagctgatt ttcacttccc1620
actgaggttg tcataacatg caaattgctt caattttctc tgtggcccaa acttgtgggt1680
40 cacaaacctt gttgagataa agctggctgt tatctcaaca tcttcatcag ctccagactg1740
agactcagtg tctaagtctt acaacaattc atcattttat accttcaatg ggaacttaaa1800
ctgttacatg tatcacattc cagtacaatt acttccattt attagaagca cattaaccat1860
ttctatagca tgatttcttc aagtaaaagg caaaaagatat aaattttata attgacttga1920
gtactttaag ccttggttaa aacatttctt acttaacttt tgcaaatata acccattgta1980
45 gcttacctgt aatatacata gtagtttacc tttaaaagtt gtaaaaatat tgctttaacc2040
aacactgtaa atatttcaga taaacattat attcttgtat ataaacttta catcctgttt2100
tacctataaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaggg aa 2142

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 92:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1111 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 92

```

15  cgtgggcgaa catgggagct gttcctcgcg ggccgcccggg tgcgtgtcac cggggcaggc 60
    aaaggtatag ggcgcggcac ggtccaggcg ctgcacgcga cgggcgcgcg ggtgggtggct 120
    gtgagccgga ctcaggcgga tcttgacagc cttgtccgcg agtgcccggg gatagaacct 180
    gtgtgcgtgg acctgggtga ctgggaggcc accgagcggg cgtgggcag cgtgggcccc 240
    gtggacctgc gcggagactg cgcgcacatg gagctgttcc tcgcgggccc cgggtgctg 300
20  gtcaccgggg caggcaaaag tataggcgcg ggacaggtcc aggcgctgca cgcgacgggc 360
    gcgcgggtgg tggctgtgag cgggactcag gggatcttg acagccttg ccgcgagtgc 420
    cgggggatag aaccctgtg cgtggacctg ggtgactggg aggccaccga gcgggcgctg 480
    ggcagcgtgg gccccgtgga cctgctgtg aacaacgccg ctgtcgccct gctgcagccc 540
    ttcctggagg tcaccaagga ggcctttgac agatcctttg aggtgaacct gcgtgcggtc 600
25  atccagggtg cgcagattgt ggccaggggc ttaatagccc ggggagtccc aggggccatc 660
    gtgaatgtct ccagccagtg ctcccagcgg gcagtaacta accatagcgt ctactgtccc 720
    accaagggtg ccctggacat gctgaccaag gtgatggccc tagagctcgg gcccacaag 780
    atccgagtga atgcagtaaa cccacagtg gtgatgacgt ccatgggcca ggccacctgg 840
    agtgaccccc acaaggccaa gactatgtg aaccgaatcc cacttgcaa gtttgctgag 900
30  gtagagcacg tgggtgaacg catcctctt ctgctgagt accgaagtgg catgaccacg 960
    ggttcactt tgccggtgga agggggcttc tgggcctgct gagctccctc cacacacctc 1020
    aagcccatg ccgtgctcat cctaccccca atccctcaa taaacctgat tctgtgccc 1080
    aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa g 1111

```

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 93:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 657 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

40

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

55

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 93

5 atttaaagcc tggattgtaa ccagattttc ttttttcccc cttctcagct gtagatatga 60  
 tatctccttt cagggcccca gcttaagggc aaagtgagtt aatgtgtaga caaaggcgag120  
 ggacaagaga gagttaacat ctacacagtg gaaaaagcca tgggtgtgtg tttctgggaal80  
 ccaccaacac ttgcagggtt agctttttcc cagggttgac tacaagaaaag aaaaccatgt240  
 ttttgcaaga ttaaaatgtg gttgagtggt cctaaattaa ccatcccat ttttatcata300  
 tttccaccat cacttcaggg ttttaagagt cagtgtcac ctgggaggac tggtagtaca360  
 10 ttttgcttct tagaaagcta agtcctgggt tccgtctgat tttagggtcc aggaacttcc420  
 tgagaacacc cgatcgaga gggtaatttt ctggagtttg ttttgaggag atagctggga480  
 gtatggccac cctgtccac gatgcggtaa tgaatccagc agaagtgtg aagcagcgct540  
 tgcatgtgta caactcgag caccggtcag caatcagctg catccggacg gtgtggagga600  
 ccgaggggtt gggggccttc taccggagct acaccacgcc gagccctatc tcgtgcc 657  
 15

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 94:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 20 (A) LÄNGE: 863 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- 30 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 35 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 94

40 gcggctcggtg gtgcggcgct gtttaaagat ggccggcgag gaacctcagc agcagaagca 60  
 ggagccgctg ggcagcgact ccgaagggtg taactgtctg gcctatgatg aagccatcat120  
 ggctcagcag gaccgaattc agcaagagat tgctgtgcag aaccctctgg tgtcagagcg180  
 gctggagctc tcggctcctat acaaggagta tgctgaagat gacaacatct atcaacagaa240  
 gatcaaggac ctccacaaaa agtactcgta catccgcaag accaggcctg acggcaactg300  
 45 tttctatcgg gctttcggat tctccactt ggaggcactg ctggatgaca gcaaggagtt360  
 gcagcgggtc aaggctgtgt ctgccaaag caaggagac ctggtgtccc agggcttcac420  
 tgaattcaca attgaggatt tccacaacac gttcatggac ctgattgagc aggtggagaa480  
 gcagacctct gtgcgggacc tgctggcctc cttcaatgac cagagcacct ccgactacct540  
 tgtgtctac ctgcggctgc tcacctcggg ctacctgcag cgcgagagca agttcttcga600  
 50 gcacttcacg gaggtgggac ggactgtcaa ggagttctgc cagcaggagg tggagcccat660  
 gtgcaaggag agcgaccaca tccacatcat tgctgtggcc caggccctca gcgtgtccat720  
 ccaggtggag tacatggacc gcggcgaggg cggcaccacc aatccgcaca tcttccctga780  
 gggcttccga gcccaagggtc ttacctgtt ttaaccggct tggggcaatt taggtattgc840  
 tttttacaaa taggggtttg gtt 863  
 55

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 95:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1015 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 95

```

aattcggaac gagggcgccct gcaagccatg atgaccacc tgcattgtgaa gtctacagaa 60
cccaaagctg cccctcagcc cctgaatctg gtatcaagtg tcaccctctc caagtccgca 120
tcggaggctt ctccacagag cttacctcat actccaacga cccaaccgc cccctgact 180
cccgtcaccc aaggccctc tgtcatcaca accaccagca tgcacacggt gggaccatc 240
cgcaggcggg actcagacaa atacaacgtg cccatttcgt cagcagatat tgcgcagAAC 300
caagaatttt ataagaacgc agaagttaga ccaccattta catatgcac ttttaattagg 360
caggccattc tcgaatctcc agaaaagcag ctaacactaa atgagatcta taactggttc 420
acacgaatgt ttgcttactt ccgacgcaac gcggccacgt ggaagaatgc agtgcgtcat 480
aatcttagtc ttcacaagtg ttttgtgcga gtagaaaacg ttaaaggggc agtatggaca 540
gtggatgaag tagaattcca aaaacgaagg ccacaaaaga tcagtggtaa cccttcctt 600
attaaaaaca tgcagagcag ccacgcctac tgcacacctc tcaatgcagc tttacaggct 660
tcaatggctg agaatagtat acctctatac actaccgctt ccattggaaa tcccactctg 720
ggcaacttag ccagcgcaat acgggaagag ctgaacgggg caatggagca taccaacagc 780
aacgagagtg acagcagtc aggcagatct cctatgcaag ccgtgcatcc tgtacacgtc 840
aaagaagagc ccctcgatcc agaggaagct gaaggggccc tgtccttagt gacaacagcc 900
aaccacagtc cagattttga ccatgacaga gattacgaag atgaaccagt aaacgaggac 960
atggagtgac tatcggggcg ggccaacccc gagaatgaag attggaaaa aaaaa 1015

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 96:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2532 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 96

```

gctcgatgtg caagtgaagg atgattccag ggcctgact ttaggagcac tgacgtgcc 60
tctggcccgc ctgctgactg cccagaaact catcctggac cagtgggtcc agctcagcag 120
ctctggtcca aactccagac tctatatgaa actagtcatt aggatcctgt acttggattc 180
15 atcagaaata tgcttcccc cgggtgcctgg ttgtcctggt gcttgggacg tggacagtga 240
gaatccccag agaggcagca gtgtggatgc cccacctcga ccctgtcaca cgactcctga 300
tagccagttt gggactgagc atgtgcttcg gatccatgta ttagaggccc aggacctgat 360
tgccaaagac cgtttcttgg ggggactggg gaagggaag tcagaccctt atgtcaaact 420
aaagttggca ggacgaagct tccggagcca tgtgttctcg gaagatctca atccccgtg 480
20 gaatgaggtt tttgaggtga tcgtcacatc agttccaggc caagagctag aggttgaagt 540
ctttgacaag gacttggaca aggatgattt tctgggcagg tgtaaagtgc gtctcaccac 600
agtcttaaac agtggcttcc ttgatgagt gctgacctg gaggatgtcc catctggccg 660
cctgcacttg cgctggagc gtctcaccct ccgtcccact gctgctgagt tagaggaggt 720
gctgcaggtg aatagtttga tccagactca gaagagtgcg gagctggctg cggccctgct 780
25 atccatctat atggagcggg cagaggacct cccgtgcga aaaggcacca agcacctcag 840
cccttatgct actctcactg tgggagatag ttctcataaa accaagacta tttcgaaaac 900
ttcagcccct gtctgggatg agagtgcctc ctttctcatc aggaaaccac aactgagag 960
cctagagttg caggttcggg gtgagggcac tggcgtgctg ggctcattat ccctgcccct1020
ctcagagctc ctgctggctg accagctctg cttggaccgc tggtttacac tcagcagtg1080
30 tcaggggcag gtgctactga gagcacagct agggatcctg gtgtcccagc actcgggagt1140
ggaagctcat agccacagct acagccacag ctctcatcgt ctgagtgaag aaccagagct1200
ctcgggggga cccctcaca tcacctctc agcccagag ctccggcagc gcctaacaca1260
tggtgacagt ccccttgagg ctccagccgg gcctctgggc caggtgaaac tgactctgtg1320
gtactacagt gaagaacgaa agctggtcag cattgttcat ggttgccggg cccttcgaca1380
35 gaatggacgt gatcctcctg atccctatgt gtcactgttg ctactgccag acaagaaccg1440
aggcaccaag agggaggacct cacagaagaa gaggacctg agtcctgaat ttaatgaacg1500
gtttgagtgg gaactcccc tggatgaggc ccagagacga aagctggatg tctctgtcaal560
gtctaattcc tccttcatgt caagagagcg tgactgctgg ggaaggtgca gctggacctal620
gctgagacag acctttccca ggggtgtagc cggtggtatg acctgatgga caacaaggac1680
40 aagggcagct cctaggagct ggcgagctcc agcctgactg ctctgtcttc ctgccttcgt1740
ctcgtcccat caccgcctca atgtgatgag cctaaagcta ggggtccaag gcagagcctg1800
tgcccttcag ccctttcacc taacaggccc atattcgggc ctttgccctga ccaaagagaa1860
gaaccgtatg ttccctttac tgcacggcct ttatccttct gggccctgg ggcggggacc1920
tgagctggct gtttctctgt ttgcctgcac attgttctcc ctctctccca actcctcagg1980
45 gccttctgta tctgtgctg gccagtggca gcactagcag tggatttagc ttatgcaaaa2040
tacagctttg gaaggatctt tttttcttta actagatggt caccctcttc cctaccacac2100
atgggtggga aggtggacag gctaacctct ccagctgtga gcctcttaga ctactgcatg2160
tagcaaatgt tcagcagctc agggcccat gtccagttct gtccccactg tcctcaaccc2220
tgtcctgaaa attctactg tttgatggct ggggcccagtc tcttgctact ttggaaactg2280
50 aggacgcgtg gattctactc aagcctccaa gtatggcat atcagtcctg gagctcctag2340
ctggtgatac ggagagggct ttggaggact tgggacagca gggccaattt ttttgcccaa2400
gtgcctaggc tgctaactca ctgactagaa cttaatctgg tactttacag ttttgacca2460
actctgccaa gccactggat cttacattaa acatcatact caaaaaaaaa aaaaataaaa2520
ataaaaaaaaa aa 2532

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 98:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 776 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

15

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 98

20

```

tttttttttt tttttttttt tttttttttt ttttgagaca aagtctcact gtgtcaccca 60
gactggaatg cagtgcacaca atctcggtct actgaaacct ctgccttcca gggtcaagct120
attctcatgc ctcagcctct caagtagctg ggactacaga tgtgggccac catgtctggc180
taattttttt ttttttttgt agagacaggg tttcgccatg ttgacgagac tggctctcga240
25 ctcttgccct caagtgatct gccgcctcag cttctcaaag tactgggatt atataggcat300
gagccactga gcctggccct gaagcgtttt tctcaaaggc cctcagttag ataaattaga360
tttggcatct cctgtccttg gccagggatc tctctacaag agccctgcc cctctgttgg420
aggcacagtt ttagaataag gaggaggagg gagaagagaa aatgtaaagg agggagatct480
ttcccaggcc gcaccatttc tgtcactcac atggacccaa gataaaagaa tggccaaacc540
30 ctcaacaacc ctgatgtttg aagagttcca agttgaaggg aaacaagaa gtgtttgatg600
gtgccagaga ggggtgctc tccagaaagc taaaatttaa tttctttttt cctctgagtt660
ctgtacttca accagcctac aagctggcac ttgctaaca atcagaaata tgacaattaa720
tgattaaaga ctgtgattgc caccaaaaaa aaaaaaaca gccaggaaaa aaaggg 776

```

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 99:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 629 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

## (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 99

```

5  cggtctgact tccgttactt gctgcggagg accgtgggca gccagggctg gtgaaggatc 60
   ccaaaatggc tgggcgaaaa cttgctctaa aaaccattga ctgggtagct tttgcagaga120
   tcatacccca gaaccaaaag gccattgcta gtccctgaa atcctggaat gagaccctca180
   cctccagggt ggctgcttta cctgagaatc caccagctat cgactgggct tactacaagg240
   ccaatgtggc caaggctggc ttggtggatg actttgagaa gaagtttaat gcgctgaagg300
10  ttcccgtgcc agaggataaa tatactgcc aggtggatgc cgaagaaaaa gaagatgtga360
   aatcttgtgc tgagtgggtg tctctctcaa aggccaggat tgtagaatat gagaaagaga420
   tggagaagat gaagaactta attccatttg atcagatgac cattgaggac ttgaatgaag480
   ctttcccaga aaccaaatta gacaagaaaa agtatcccta ttggcctcac caaccaattg540
   agaatttata aaattgagtc caggaggaag ctctggccct tgtattacac attctggaca600
15  ttaaaaataa taattataca aaaaaaaaaa                629

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 100:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 20 (A) LÄNGE: 757 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 25 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 30 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 100

```

40  ggcggggagc agggggacac caggggtgaat caggaagacc cgaggggtgg cccccaccct 60
   ttctccaccc acgcggcagg ttccaggtgc cctggctgga gtcagtcctc atcgtagtca120
   gcaacaacat tgacgaggag gcgctggccc gactggccca ggagggcagt gaggtgaatg180
   tcattggcat tggcaccagt gtggtcacct gcccacaaca gccttccctg ggtggcgtct240
45  ataagctggg ggccgtgggg ggccagccac gaatgaagct gaccgaggac cccgagaagc300
   agacgttgcc tgggagcaag gctgctttcc ggctcctggg ctctgacggg tctccactca360
   tggacatgct gcagttagca gaagagccag tgccacaggc tgggcaggag ctgaggggtg420
   ggcctccagg ggcccaggag ccctgcaccg tgaggccagc ccaggtggag ccactactgc480
   ggctctgcct ccagcaggga cagctgtgtg agccgctccc atccctggca gagtctagag540
50  ccttggccca gctgtccctg agccgactca gccctgagca caggcggtct cggagccctg600
   cacagtacca ggtgtgtgctg tccgagaggc tgcaggccct ggtgaacagt ctgtgtgcgg660
   ggcagtcccc ctgagactcg gagcggggct gactggaaac aacacgaatc actcactttt720
   cccacagga agaggaggtg agggaagagg gggggcg                757

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 101:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1262 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 101

```

aatttgttga agagtgattc tccctcatcc tctgcaaaca ttccataggc gataggaaga 60
actatgcctc tgccaagctt tctgagttgc tgccagaaga agttgaagca gaagtgaag 120
cagctgcaga gatatcaatg ggaacagagg ttccagaaga agatatttgc aatattctgc 180
atctttgcac ccagtgattt gaaatctctg aatatcgaac ccagctctat gaatatctac 240
aaaatcgaat gatggcattt gcacccaatg ttacagtcac ggttggggaa ttagttggag 300
cacggcttat tgctcatgca ggttctcttt taaatttggc caagcatgca gcttctaccg 360
ttcagattct tggagctgaa aaggcacttt tcagagccct caaatctaga cgggataccc 420
ctaagtatgg tctcatttat catgcttcac tcgtgggcca gacaagtccc aaacacaaag 480
gaaagatttc tcgaatgctg gcagccaaaa ccgttttggc tatccgttat gatgcttttg 540
gtgaggattc aagttctgca atgggagttg agaacagagc caaattagag gccagggttg 600
gaactttgga agacagaggg ataagaaaaa taagtggaac aggaaaagca ttagcaaaaa 660
cagaaaaata tgaacacaaa agtgaagtga agacttacga tccttctggg gactccacac 720
ttccaacctg ttctaaaaaa cgcaaaatag aacaggtaga taaagaggat gaaattactg 780
aaaagaaagc caaaaaagcc aagattaaag ttaaagttga agaagaggaa gaagaaaaag 840
tggcagaaga agaagaaaaa tctgtgaaga agaagaagaa aaggggtaaa aagaaacaca 900
ttaaggaaga accactttct gaggaagaac catgtaccag cacagcaatt gctagtccag 960
agaaaaagaa gaaaaagaaa aaaaagagag agaacgagga ttaacagaaa ggaattacga 1020
ttatatcacc cggacacaca tcatgcttaa gattcaactg ggagcatacc agggatgctc 1080
tctaacgtaa tcaagggaag gttcagtaag acaaagtgat ttatcatcta taacttcaaa 1140
cctatttgtc ttgacatcaa ctctgttaac cttatgtcat catttcttag agtctttgat 1200
atacaataaa aattttcttt gtatttttaa acaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1260
aa 1262

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 102:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1281 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 102

```

15  ggcggaagta gccgcaggca tggcgggcggc tatgccgctg ttgctctgct cgtcctggtg 60
    ctctctggggc ccggcggtct gtgccttgca gaacccccac gcgacagcct gcgggaggaa 120
    cttgtcatca ccccgctgcc ttccggggac gtagccgccca cattccagtt ccgcacgcgc 180
    tgggattcgg agcttcagcg ggaaggagtg tcccattaca ggctctttcc caaagccctg 240
    gggcagctga tctccaagta ttctctacgg gagctgcacc tgctattcac acaaggcttt 300
20  tggaggacct gatactggg gccacccttc ctgcaggccc catcaggtgc agagctgtgg 360
    gtctgggtcc aagacactgt cactgatgtg gataaatctt ggaaggagct cagtaatgtc 420
    ctctcaggga tcttctgcgc ctctctcaac ttcatcgact ccaccaacac agtactccc 480
    actgcctcct tcaaaccctt gggctctggc aatgacactg accactactt tctgcgctat 540
    gctgtgctgc cgcgggaggt ggtctgcacc gaaaacctca cccctggaa gaagctcttg 600
25  ccctgtagtt ccaaggcagg cctctctgtg ctgctgaagg cagatcgctt gttccacacc 660
    agctaccact ccaggcagt gcatatccgc cctgtttgca gaaatgcacg ctgtactagc 720
    atctcctggg agctgaggca gacctgtca gttgtatttg atgccttcac caggggcgag 780
    ggaaagaaag actggtccct ctcccgatg ttctccgaa ccctcacgga gccctgcccc 840
    ctggccttcag agagccgagt ctatgtggac atcaccacct acaaccagga caacgagaca 900
30  ttagaggtgc accaccccc gaccactaca tatcaggacg tcctcctagg cactcggaag 960
    acctatgcc a tctatgactt gcttgacacc gccatgatca acaactctcg aaacctcaac1020
    atccagctca agtgggaagag acccccagag aatgaggccc cccagtgcc cttcctgcat1080
    gccagcggt acgtgagtg ctatgggctg cagaagggg agctgagcac actgctgtac1140
    aacacccacc cataccgggc cttcccgtg ctgctgctg acaccgtacc ctggtatctg1200
35  cggtgtttac atccactacc agcctgccc ggaccggctg caaccccacc tcctggagat1260
    gctgattcag ctgccggcca a 1281

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 103:

40

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 716 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

55

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## 5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 103

```

gggccccaga aagagaccaa tgtgttgtgc gacgggtggg tggcagtggc agtggcagat 60
ggtaccaggc gccccagAAC tctaaggggc ctcaagtagt ttaaaacctc ggaggctgcc120
tgacttgggg ccaagggttt ctatgctcag gcctgacccc tcatggatta gtttctgctg180
10 gaaaaacttt ttctgccctc ggccaggtct ctatctcctt ctgccttaac atattttgga240
aggttgggtc ccagcagaga cggggccatg ggctcacact ctgacctctc ccacggcatt300
agccctgtct cagcctctgg gctgttacgc aagttaattc ctgcacaaga ctcaaacag360
ggctgtggag gaagcaaagg agcccttttt atgcctctgt agtaggactg agagaggccc420
tctggccagc gtgagcctgc tggttcttcc cggactgtac caggccttga ggcggggtat480
15 ggaaacgccc cactctgggg cctggcttgg ggaaggggag gcggcagggg ttctttgggc540
ttctcgaggg tataatctga gctctctggg gaacgtgtgt ccattttagt gcagtagtcc600
gacacgtcgg gggactcaac ttacactgg gacaatctgt gtgtggtctg tttttagtaa660
attcatccac acaagagagt ggaggcatga acaggggtgg ccttcctcgg atctca 716

```

## 20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 104:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1160 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

25 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

30 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## 35 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

40 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 104

```

tttgttgttg gagaaaggag agaaaggaaa gcgcgagggg ccgccgccac caccagcgca 60
45 gagtccctga gctgtgagga gattcggggc gtcaccctgc ctcccctgcg tcccgccacc 120
ggccgcttct gtcctcggac ccattccaac aatctcgtaa aacatggtgg attactatga 180
agttctaggc gtgcagagac atgcctcacc cgaggatatt aaaaaggcat atcggaact 240
ggcactgaag tggcatccag ataaaaatcc tgagaataaa gaagaagcag agagaaaatt 300
caagcaagta gcggaggcat atgaagtgtc gtcggatgct aagaaacggg acatctatga 360
50 caaatatggc aaagaaggat taaatggtgg aggaggaggt ggaagtcatt ttgacagtcc 420
atttgaattt ggcttcacat tccgtaaccc agatgatgtc ttcagggaat tttttggtgg 480
aagggaacca ttttcatttg acttctttga agaccctttt gaggacttct ttgggaatcg 540
aaggggtccc cgaggaagca gaagccgagg gacggggtcg ttttctctg cggttcagtgg 600
atttcggtct tttggaagtg gattttcttc ttttgataca ggatttactt catttggtgc 660
55 actaggtcac gggggcctca cttcattctc ttccacgtca tttggtggta gtggcatggg 720
caacttcaaa tcgatatcaa cttcaactaa aatggttaat ggcagaaaaa tcactacaaa 780

```

gagaattgtc gagaacggtc aagaaagagt agaagttgaa gaagatggcc agttaaagtc 840  
 cttacaata aatggtgtgg ccgacgacga tgcctcgtc gaggagcgca tgcggagagg 900  
 ccagaacgcc ctgccagccc agcctgccgg cctccgccg ccgaagccgc cccggcctgc 960  
 ctgcgtgtg agacacgcgc ctactgtct ctctgaggag gagggcgagc aggaccgacc1020  
 5 tggggcacc cggccctggg acccctcgg cgccgcagc aggattgaaa gaaggtggca1080  
 agaggaagaa gcagaagcag agagaggagt ttgaaggagg aaggaagttg gaccaaaggc1140  
 attgattaga ccgattttt 1160

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 105:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1040 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 105

agcatccgct tccggttccc agactgaatt gtcagtgagc ggagtctgag gtcgctgtgg 60  
 actgcccact gggccttgcc cgagatggac agccggattc cttatgatga ctaccggtg 120  
 35 gttttcttgc ctgcctatga gaatcctcca gcatggattc ctctcatga gaggttacac 180  
 cacccgact acaacaatga gttgaccagc tttctgcccc gaaccatcac actgaagaag 240  
 cctcctggag ctcaattggg atttaacatc cgaggaggaa aggcctccca gctaggcatc 300  
 ttcattctcca aggtgattcc tgactctgat gcacatagag caggactgca ggaaggggac 360  
 caagttctag ctgtgaatga tgtggatttc caagatattg agcacagcaa ggctgttgag 420  
 40 atcctgaaga cagctcgtga aatcagcatg cgtgtgcgct tctttcccta caattatcat 480  
 cgccaaaaag agaggactgt gcactagaaa gttgcagccc acagcccttc atgtggactc 540  
 tgtcatgaca tgctaactag acttcagggg agccacttct gttttcagcc cctccctgga 600  
 atagttagtt gggaggatgg ggagacagct aaccaactgc attaccctaaa ccatattgca 660  
 ctttttagttc cctagttttc taggtgagct tcattccctg aaaggaggat gatgatattc 720  
 45 aggcataacc tagcctgtga ggaacctagt taggaaagac aactgacatt tattgaatat 780  
 catgcactag tcccttacat atgtcatatt ttaattatag aaatcagtag caaaaagaat 840  
 cttggggatt ttccatctga cttccctggc catcttatcc catccttgca ctaccagaag 900  
 attcatacac ttttgagact ccagttagac gctgttttca ccccttcctc ctcttagcct 960  
 ctctcccaaa aagtaaaaca caatgctgaa gaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaggggg1020  
 50 gggccggccg gtgggtgtgc 1040

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 106:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1336 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

- (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 106

```

20 cgagggacag aacctggtgc aggaggagtt ggcggcccgcc gggacccagc ccccgctccat 60
   ccgcaacggc ctggacaaag ccgcgaggtc cgcttcgagc gagctgagca ggccctgcgc 120
   cgtttcagcc agggcccccac acccgctgcc gctgtcccg agggcacggc agccgagggc 180
   gctcccaggc aggaaaactg tgggtgccag caggtcccg caggccgggc actagcacc 240
   ctcccagcag ccccgctgcg acctgcgggc ccctgacgga tgaggacgtg gtcaggctgc 300
25 ggccctgtga gaagaagcgg ctggacatcc gtggcaact ttacctggcc cccctcacca 360
   cgtgtgggaa cctgcccttc cgacggatct gcaagcgctt cggggcgcat gtgacatgtg 420
   gagagatggc cgtctgcacc aacctgctgc agggccagat gtccgagtgg gccctactca 480
   aacgccacca gtgtgaggac atctttggcg tccagctgga gggcgccctc cccgacacca 540
   tgaccaagtg tgccgagctg ctgagccgca ccgtggaggt ggactttgtg gacatcaacg 600
30 tcggctgccc catcgacctc gtgtacaaga aggggtgggg ctgtgccctc atgaatcgct 660
   ccaccaagtt ccagcagatc gtccgtggca tgaaccaggt gctggatgtg ccgctgactg 720
   tgaagatccg cacaggcgtc caggagcgtg tgaacctggc gcaccgctg ctgcccgagc 780
   tgccgggactg gggcgtggca ctgcgcagg aaatggggac atcttgatcat ttgaggatgc 840
   caaccgcgcc atgcagactg gtgtcaccgg gatcatgatt gcccgtggcg ccctgctcaa 900
35 gccgtggctc ttacaggaga tcaaggagca gcggcactgg gacatctcgt cgtccgagcg 960
   cctggacatc ctgcgggact tcaccaacta cggcctggag cactggggct cggacacgca1020
   gggcgtggag aagaccgggc gctttctgct cgagtggctg tccttcctgt gccggtacga1080
   tcccggtggg ctgctggagc ggctcccaca gaggatcaac gagcgccgc cctactacct1140
   gggcgcgcac tacctggaga cgctgatggc cagccagaag gcagccgact ggatccgcat1200
40 cagcgagatg ctccctgggc cagtgcctcc cacctgcctt tcttgccgaa gcacaaggcc1260
   aacgcgtaca agtagcctca ggctttccca ggggcaccct ggggcgagga gagtacaata1320
   aattttatcc ttttaa                                     1336

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 107:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 812 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 107

```

ggcagcccaa tgtctcctgc acgtgcaatg caaacgctct ttgttcaga gcatggagat 60
cacggagctg gagtttggtc agatcatcat catcgtggtg gtcacgtgcc tgctgagcca120
ctacaagctg tctgcacggg ccttcacatc cgggcacagc caggggaggga ggagagaaga180
15 tgccctgtcc tcagaaggat gcctgtggcc tcggagacac agtgtcaggc aacggaatcc240
cagagccgca gtcttacgcc ccgctcggc ccaccgaccg cctggccgtg cgcccttcgc300
ccagcggagc gttttccacc gttgccagcc caatgtctcc tgcacgtgca actgcaaacg360
ctctttgttc cagagcatgg agatcacgga gctggagttt gttcagatca tcatcatcgt420
ggtggtcacg tgcctgctga gccactacaa gctgtctgca cggtccttca tcagccggca480
20 cagccagggg cggaggagag aagatgccct gtcctcagaa ggatgcctgt ggccctcgga540
gagcacagtg tcaggcaacg gaatcccaga gccgcaggtc tacgccccgc ctcgccccac600
cgaccgcctg gccgtgccgc ccttcgcccc gccggagcgc ttccaccgct tccagcccac660
ctatccgtac ctgcagcacg agatcgacct gccgcccacc atctcgctgt cagacgggga720
ggagccccca ccctaccagg gccctggac cttcaagggt cgggaccccg aggaggagtt780
25 ggaaattgaa cggggattgg gtgcggagac cc                                     812

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 108:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2681 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 108

```

gatgcttggt atcatcatca tgatgacgct gtgtgaccag gtggatattt atgagtgcct 60
cccattcaag cgcaagactg acgtgtgcta ctactaccag aagttcttcg atagtgcctg 120
cacgatgggt gcctaccacc cgctgctcta tgagaagaat ttgggtgaagc atctcaacca 180
gggcacagat gaggacatct acctgcttgg aaaagccaca ctgcctggct tccggaccat 240
55 tcaactgctaa gcacaggctc ctcaactctc tccatcaggc attaatgaa tggctctctg 300

```

```

gccaccccag cctgggaaga acattttcct gaacaattcc agcctgctcc ttttactcta 360
ggggccctctg tcagcaagac catggggact tcaagagcct gtggtcagga aatcagggtcc 420
agccttccct gtagccagac agtttatgag cccagagcct cctgccacac acatgcacac 480
atatctagca ttctttccag acagcatcct ccccgcttc caccctggta gatgcaaggt 540
5 ctatctctcc catcagggtc gccaaagctg ggctttgttt ttcccagcag aatgatgcca 600
ttctcacaaa ccaatgctct atattgcttg aagtctgcat ctaaattattg atttcacgtt 660
ttaaagaaat tctcttaaat tacaattgtg cccaatgcag ggtggctctg gggggcaagt 720
aggtggtaca ggggattgga aacatgctcc gcgcctccag agaaaagttg ctcccagagt 780
ccatgcccct ggaacgtgtt cctatcactc tggctggttg ggctggctct tagactgggt 840
10 gcttatgatt aaagggtctt ggtagccca ctttccctct ccatgtggag atggaaggtg 900
gagaaggata cagtgtctat cctcaagttg ctacggttca gtgagagagg cagacatctg 960
aacaggcagg taggattcag tgtgctcagt gcactgggga tttggagaga gatgggcttg1020
ctctctctgt gcaccagga gggccacgca cttaaaactg tgtttgtgga tcagagaagg1080
ctttatagca cagggggcat tcagatgagt cttagaggaa gagaagaaac atggcaagca1140
15 gattacatct gagccgtttg aattgtgttt ttctttcttc ccatgtttat tttctaagat1200
ctacctgaac tttagagactc aagatatttt tttaggaaac ctctaccca tgtctgaggt1260
agcaagtaca gcctcacgac agataccagg caatccagag ccacaaaacg tgattcctcc1320
aggctctgcc tggcctgacc ctgtcctgtc agctgggttt acataccagt cccattcttc1380
cttttcaata aataccccca aatcttctcc taaccacat taaagcattt tttgcttta1440
20 aagcatcctg accccaattt ctttgagctc acgggccttt tgctgaaggt ctctcagggt1500
gtagtgggtg ggctctctgg acttaacgtc actctcagag gtcagaacct tggagatcag1560
aactgattct caccagggtg gagagggtg gtagcagatt gcaatgctct gcacctcttc1620
cttgcaagtg agcaacttca ggctctctg gtagaggctg gccactgta gttgcagac1680
atgctctcca gatgggttta ctaagtcccc tctccctgat agggaaatcct gctggaccag1740
25 cgcagcctgg gtgtggagag gttaaaagac ttgcacagga tcaccaagtc atgctgtaga1800
gccaggattc ctgagaccag ggctctgcac tctcaaggct ggccccatgt gctcaagggg1860
atctaattgt tgggctccaa actaaccatc tcggagctgg gctcctcatt tactgccaaa1920
ccctcagctt atgtagctag aaagggcoct ggagtggaa agcctggatt ttcaaattga1980
tgctccctta ctgactagct gtgccactct gggcaaatgc tcttccttga gcctgtttcc2040
30 acacctgtaa agtggggatg atgatcctat ctactgctt ttgtgaggat tacaggaaag2100
cacctgtcct ggctctgtac ctggcacgta gtaggtgctc agttcatgct ggtttccttc2160
ctgccttttag tagggacctg ctctgtgctc acacctcggc tgcatgcacc ctgctgtgac2220
ggaggctagt gtggaagagg tcctgtcctc agggaattaa ctgtcttatt gggagacaac2280
aactgtcctc cttggaacac ccaagaaacc atgcaaagca gtggacaaca cagaacacgc2340
35 cctcctcctc gctgcctgca gctccaatct gattctgctt gggaatgggc ggagcacgtg2400
ggctgcttaa ctgctgtata ggacaagccc cttacccctc tctgggcccc tgaattcctg2460
ctttgggttta tgttctgatt tgacacactg attttaatct tcgaatcatg acactgagtg2520
cagaggaggt ggcattccga cagcaggaca tacatgttgg tgtgaagact gggacgacac2580
tggttagaat ctagttttta attattatta atataaagga tcaaattaat ttaaatatga2640
40 atccgaagtc cacagaactt taagtgtctg gccggccatg t 2681

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 109:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 45 (A) LÄNGE: 1407 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 55 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 109

```

cttgggacgg aagcctagct ggggtggggg cgccgggctg gagccttcgc aggggagcgg 60
gctcagtcac caccctgcgc cccagagtga ctcagccccc acgtcccccac ccattccccgg 120
10 ggagccaggg ccgcagaggg aggtagataa gtgggggtggc agcctgggtc ggccagagag 180
ttcaggccac cccggccgga cgcctgccac ttgctgtcac tgtgccgtg tcatggcacg 240
ctccgggagt gccacgccac ctgccggggc tccgggagcc cctccacgga gccaccccca 300
gaggctggta caggatgtca gtggggccct gagggagctg cgccctcggc tctgccacct 360
gcgaaaggga cctcagggtc atgggttcaa cctgcatagt gacaagtccc ggcccggcca 420
15 gtacatccgc tctgtggacc cgggctcacc tgccgcccgc tctggcctcc gcgccaggga 480
ccggctcatt gaggtgaacg ggcagaatgt ggagggactg cgccatgctg aggtggtggc 540
cagcatcaag gcacgggagg acgaggcccg gctgctggc gtggaccccg agacagatga 600
acacttcaag cggtctcggg tcacacccac cgaggagcac gtggaaggtc ctctgccgtc 660
acccgtcacc aatggaacca gccctgcccc gctcaatggt ggctctgcgt gctcgtccc 720
20 aagtgcctg cctggttccg acaaggacac tgaggatggc agtgcctgga agcaagatcc 780
cttccaggag agcggcctcc acctgagccc cacggcggcc gaggccaagg agaaggctcg 840
agccatgcga gtcaacaagc gcgcgccaca gatggactgg aacagggaagc gtgaaatcct 900
cagcaacttc tgagccctt cctgcctgtc tggggaccct gggaccctc ccgcacggac 960
cttgggcctc agcctgcccc gagctcccc agcctcagt gactggaggg tggctcctgcc1020
25 attgcccaga aatcagcccc agccccggtg agccccatc ctgccctgc ccaccaggta1080
ctgggggcct gtggcagcaa gataggggga gagagaccca gagatgtgag agagagtcag1140
agacagagac agagagagag agagagagac acagagagag acagagagag agcgagcgag1200
cgcgcggcag ccgcggggcg agggcctttg ctgctctgcc ggggcctgct gactgaaagg1260
aatttgtgtt tttgcttttt ttccaaaaag atctccagct ccacacatgt ttccacttaa1320
30 taccagagac cccccccgtc aaagccccc tccccggccc cttgggacgc gctctaaata1380
attgcaataa aacaaacctt tctctgc 1407

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 110:

35

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1376 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

55

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 110

```

cgaagaagcc ccgccccgtc ccgcttagac aatgccccgg agccgccaga ccgtcgcgcc 60
cctgccccat cgtagtatat gagctcgctt acacaaggac ccccgtataa agccagagct 120
cccagtcctc gaggttgtaa gacggggact ccttctcca ccaactctgt cctcgggggg 180
tggggcccca gccgagatca cagcgcgaca ggagtggggg tggccgctgg agacaggtga 240
5 agaaacaaga aaactaagaa atccgagcgg ttggaggggg agtctgtgtg gatgggatgg 300
ggacgccggg ggaggggctg ggccgctgct cccatgccct gatccgggga gtcccagaga 360
gcctggcgctc gggggaaggt gcgggggctg gccttcccgc tctggatctg gccaaagctc 420
aaagggagca cggggtgctg ggaggtaaac tgaggcaacg actggggcta cagctgctag 480
aactgccacc tgaggagtca ttgccgctgg gaccgctgct tggcgacacg gccgtgatcc 540
10 aaggggacac ggccttaact acgcggccct ggagccccgc tcgtaggcca gaggtcgatg 600
gagtcgcgaa agcctgcaa gacctggggc tcggaattgt ggaaatagga gacgagaacg 660
cgacgctgga tggcactgac gttctcttca ccggccggga gtttttcgta ggctctcca 720
aatggaccaa tcaccgagga gctgagatcg tggcgacac gttccgggac ttccgctct 780
ccactgtgcc agtctcgggt ccctcccacc tgcgcggtct ctgcgcatg gggggacctc 840
15 gcaactgtgt ggcaggcagc agcgacgctg cccaaaaggc tgtccgggca atggcagtg 900
tgacagatca cccatatgcc tccctgacct tcccagatga cgcagctgct gactgtctct 960
ttcttcgtcc tgggttgctt ggtgtgcccc ctttctcct gcaccgtgga ggtggggatc1020
tgcccaacag ccaggaggca ctgcagaagc tctctgatgt caccctggta cctgtgtcct1080
gctcagaact ggagaaggct ggcgcggggc tcagctccct ctgcttggtg ctgagcacac1140
20 gccccacag ctgagggcct ggccttgggg tactgtggtg caggggtagg atagtatagg1200
aagtagaagg ggaaggaggg ttagatagag aatgctgaat aggcagtagt tgggagagag1260
cctcaatatt gggggagggg agagtgtagg gaaaaggatc cactgggtga atcctccctc1320
tcagaaccaa taaaatagaa ttgacctttt aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa agttct 1376

```

## 25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 111:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 30 (A) LÄNGE: 854 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

### (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

### 35 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

### (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### 40 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 45 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 111

```

acgtatagtc gggtcggctg gtggagtagc tcagagtagg gggagcgccg taattgacac 60
50 atctcttatt tgagaagtgt ctgttgccct cattaggttt aattacaaaa tttgatcacg120
atcatattgt agtctctcaa agtgctctag aaattgtcag tggtttacat gaagtggcca180
tgggtgtctg gagcaccctg aaactgtatc aaagtgttac atatttccaa acatttttaa240
aatgaaaagg cactctcgtg ttctcctcac tctgtgcact ttgctgttgg tgtgacaagg300
catttaaaaga ttttcttggc attttctttt tatttgtaag gtggtggtaa ctatggttat360
55 tggctagaaa tcctgagttt tcaactgtat atatctatag tttgtaaaaa gaacaaaaca420
accgagacaa acccttgatg ctcttgctc ggcgttgagg ctgtggggaa gatgcctttt480
gggagaggct gtagctcagg gcgtgcactg tgaggctgga cctgttgact ctgcaggggg540

```

catccattta gcttcagggt gtcttggttc tgtatatagt gacatagcat tctgctgcc600  
 tcttagctgt ggacaaaggg gggtcagctg gcatgagaat attttttttt ttaagtgcgg660  
 tagtttttaa actgtttgtt tttaaacaaa ctatagaact cttcattgtc agcaaagcaa720  
 agagtcactg catcaatgaa agttcaagaa cctcctgtac ttaaaccacga ttcgcaacgt780  
 5 tctgttattt tttttgtatg tttagaatgc tgaaatgttt ttgaagttaa ataaacagta840  
 ttacattttt aaaa 854

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 112:

## 10 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1681 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## 30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 112

ttcagctttt gccgaaatgg gtagtgatca cacacagtca tctgcaagca aaatctcaca 60  
 agatgtggac aaagaggatg agtttggtta cagctggaaa aatatcagag agcgttatgg 120  
 aaccctaaca ggcgagctgc atatgattga actggagaaa ggcatagtg gtttgggcct 180  
 35 aagtcttgct gggaacaaag accgatccag gatgagtgtc ttcatagtgg ggattgatcc 240  
 aaatggagct gcaggaaaag atggtcgatt gcaaattgca gatgagcttc tagagatcaa 300  
 tggtcagatt ttatatggaa gaagtcacat gaatgcctca tcaatcatta aatgtgcccc 360  
 ttctaaagtg aaaataattt ttatcagaaa taaagatgca gtgaatcaga tggccgtatg 420  
 tcctggaaat gcagtagaac ctttgccctc taactcagaa aatcttcaaa ataaggagac 480  
 40 agagccaact gttactactt ctgatgcagc tgtggacctc agttcattta aaaatgtgca 540  
 acattctgga gcttcccaag gaggcagggg ggtttgggta ttgctatcag cgaagaagat 600  
 acactcagtg gagtcacat aaagagctta acagagcatg gggtagcagc cacggatgga 660  
 cgactcaaag tcggagatca gatactggct gtagatgatg aaattgttgt tggttaccct 720  
 attgaaaagt ttattagcct tctgaagaca gcaaagatga cagtaaaact taccatccat 780  
 45 gctgagaatc cagattccca ggctgttcct tcagcagctg gtgcagccag tggagaaaaa 840  
 aagaacagct ccagctctct gatgggtcca cagtctggct cccagaacc ggagtccatc 900  
 cgaaatacaa gcagatcatc aacaccagca atttttgctt ctgactctgc aacctgcccc 960  
 attatccctg gctgcgaaac aaccatcgag atttccaaag ggcgaacagg gctgggcctg1020  
 agcatcggtt ggggttcaga cacgctgctg ggtgccatta ttatccatga agtttatgaa1080  
 50 gaaggagcag catgtaaaga tggagactc tgggctggag atcagatctt agaggtgaat1140  
 ggaattgact tgagaaaggc cacacatgat gaagcaatca atgtcctgag acagacgccal200  
 cagagagtgc gcctgacact ctacagagat gagggcccat acaaagagga ggaagtgtgt1260  
 gacacctca ctattgagct gcagaagaaag ccgggaaaag gcctaggatt aagtattgtt1320  
 ggtaaaagaa acgatactgg agtatattgtg tcagacattg tcaaaggagg aattgcagat1380  
 55 gccgatggaa gactgatgca gggagaccag atattaatgg tgaatgggga agacgttcgt1440  
 aatgccaccc aagaagcggg tgccgttttg ataaaagtgt ttccctaggg cacagttaac1500  
 cttgggaagt tgggaaggat tcaaagctgg gtcccgttcc gtttcaggag gagggagggc1560

cgtttttcaa aggcagccca gggttgagtt tgaaggggca gcctctttcg tcttttttca1620  
 cgtttttccc acttttttgg ggatccccgt ttacattttg agttccactt ggggaagtta1680  
 g 1681

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 113:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 852 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

10 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

15 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

25 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 113

30 ggcaatttcc gttaggtgct gaaggctgtg ggcgcgggct gtccccattc ccacgtgaag 60  
 cgctacgcta gcatcgctcg gctggcggct cccagctcgc cgcggagcag tcccggcagc120  
 agcgggggac cggaagtggc tcgcggaggc tcagaagcta gtcccggagc ccggcgtgtg180  
 ggcctcggga gcacgggtgac ggcgccatgt ccctaactctg ctccatctct aacgaagtgc240  
 cggagcaccc atgtgtatcc cctgtctcta atcatgttta tgagcggcgg ctcatcgaga300  
 agtacattgc ggagaatggt accgacccca tcaacaacca gcctctctcc gaggagcagc360  
 35 tcacgcacat caaagtgtgt cacccaatcc ggccaagcc tccctcagcc accagcatcc420  
 cggccattct gaaagctttg caggatgagt gggatgcagt catgtgcac agcttcactc480  
 tgcgccagag ctgcagacaa cccgccaaaga gctgtcacac gctctgtacc agcacgatgc540  
 cgctcgccgt gtcattgccc gtctcaccaa ggaaactgtg aaggggatgg gcaggagggc600  
 ttgtgcaggg ttttgaagc agtgccttag ttctattaaa aaaagaaaac aataaaaaag660  
 40 ccctgcacaa ggcctacagc ccctctccct tcctgtcgtt caatggacgt ggtggtggct720  
 gttccacacc catttgttg cagttcctgt gagacaggag aggctgagcc aagggaactg780  
 tgaaggggat gggcaggagg gcttgtgcag ggttttgtta gcagtgatct agtttcatta840  
 aaaaaagaga ac 852

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 114:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1739 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

50 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

55

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

10 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 114

```

15 gaagcccgagg gacctggcgac gcgcacgcgg agcggagcgg cagcgcacgc gggcgatcgc 60
   ttcacggatg cggacgacgt agccatcctt acctacgtga aggaaaatgc ccgctcgccc 120
   agctccgtca ccggtaacgc cttgtggaaa gcgatggaga agagctcgct cacgcagcac 180
   tcgtggcagt ccctgaagga ccgctacctc aagcacctgc ggggccagga gcataagtac 240
   ctgctggggg acgcgccggt gagcccctcc tcccagaagc tcaagcggaa ggcggaggag 300
   gaccggaggg ccgcggatag cggggaacca cagaataaga gaactccaga tttgcctgaa 360
20 gaagagtatg tgaaggaaga aatccaggag aatgaagaag cagtcaaaaa gatgcttggtg 420
   gaagccaccc gggagtttga ggaggttggt gtggatgaga gccctcctga ttttgaaata 480
   catataacta tgttgtatga tgatccaccc acacctgagg aagactcaga aacacagcct 540
   gatgaggagg aagaagaaga agaagaaaaa gtttctcaac cagaggtggg agctgccatt 600
   aagatcattc ggcagttaat ggagaagttt aacttgatc tatcaacagt tacacaggcc 660
25 ttcttaaaaa atagtgttga gctggaggct acttccgctt tcttagcgtc tggtcagaga 720
   gctgatggat atcccatttg gtcccgacaa gatgacatag atttgcaaaa agatgatgag 780
   gataccagag aggcattggt caaaaaattt ggtgctcaga atgtagctcg gaggattgaa 840
   tttcgaaaaga aataattggc aagataatga gaaaagaaaa aagtcattgt aggtgaggtg 900
   gttaaaaaaa attgtgacca atgaacttta gagagttctt gcattggaac tggcacttat 960
30 tttctgacca tcgctgctgt tgctctgtga gtcctagatt tttgtagcca agcagagttg1020
   tagaggggga taaaaagaaa agaaattgga tgtatttaca gctgtccttg aacaagtatc1080
   aatgtgttta tgaaagggaag atctaaatca gacaggagtt ggtctacata gtagtaatcc1140
   attgttgga tggaaacctt gctatagtag tgacaaagtg aaaggaaatt taggaggcat1200
   aggccatttc aggcagcata agtaatctcc tgtccttttg cagaagctcc tttagattgg1260
35 gatagattcc aaataaagaa tctagaaata ggagaagatt taattatgag gccttgaaca1320
   cggattatcc ccaaacctt gtcatttccc ccagttagct ctgatttcta gactgctttg1380
   aaaatgctgt attcattttg ctaacttagt atttgggtac cctgctcttt ggctgttctt1440
   tttttggagc ccttctcagt caagtctgcc ggatgtcttt ctttacctac cctcagttt1500
   tccttaaaac gcgcacacaa ctctagagag tgtaagaat aatgttactt ggtaaatgtg1560
40 ttattttattg agtattgttt gtgctaagca ttgtgttaga tttaaaaaat tagtggattg1620
   actccacttt gttgtgttgt tttcattgtt gaaaataaat ataactttgt attcgaaaaa1680
   aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa gaggagaaaa agaggggaaa gggggaagag gagcaaaaga 1739

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 115:

45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 805 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
50 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

55 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 115

```

ataggcgcac cccaagggtca ggggtcacctc gagcctccag acaactgcgt caccttgacg 60
accaactgaa aaaaccggaa gggatggaag cagcggatca tctcgcgata tctggagcgt 120
ctgcgccctgc cttcctgacc tgggacttgt ttccagctct cgcgagactt tcaggggtcg 180
gagcgcgggg gccggccgag aggaagctg gaggcgcggg tggggaacat gtctgagtcg 240
gagctcggca ggaagtggga ccggtgtctg gcggatgcgg tcgtgaagat agaatcctgg 300
taattgatgt ccacccgaga aatccctgca gatgttccag cctctgtcta gtccagatag 360
ccacaggaag ggtactgggt ttggattagg aattgttttc tcacttacct tctttaaaag 420
aagaatgtgg ccattagcct tcggttctgg catgggatta ggaatggctt attccaactg 480
tcagcatgat ttccaggtct catatcttct acatggaaaa tatgtcaaa agcaggagca 540
gtgacttcac ctgagaacat ccagcggga ggacaagaga aatcatgttt attcctcagg 600
aatactgaag tgccctggag taagctgcca ttcttctgta acaatgttat cagtaatgct 660
ttaaactcca gcacctgggt atgcatttga aaccaagtct gtttcttggt ttgtattttc 720
tctctggaag ttgtaaggag gtggtcttaa ataaattaaa caaaaatagg aagtccaaaa 780
aaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaa

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 116:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1483 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 116

```

tgaaaaagac ccaacgcca cacctggtgc cttttgcagc cagcgccac ccatccgtgc 60
ccggaccctt gggaatgccc gcggtccag aggaataagc ccagggacgg ggcctccgtt 120
gcgggggggc ggctgcttct tgggaacttt gtcgtttccg gcgctggctg gctggctggc 180
tgtaaagcac tgaagcccc cgccgcca cccctgaaag cagaacctgg cctccctggc 240
cacagcagcc ttaccaccg ctctacgtgt cccgggcact tcccgcagcc ttcccgtccc 300
tttctcatcg gcctttagt tgtacagtgc tggtggttg aaaaggtgat gtgtggggag 360

```

```

5  tgcggctcat cactgagtag agaggtagaa tttctattta accagacctg tagtagtatt 420
   accaatccag ttcaattaag gtgatttttt gtaattatta ttatttttgt gggacaatct 480
   ttaattttct aaagatagca ctaacatcag ctcattagcc acctgtgcct gtccccgcct 540
   tggcccggtt ggaatgaagcg gcttccccgc agggccccc cttcccagtg gctgcttcct 600
   ggggacccag ggcaccccg caccctcagg cacgctcctc agctggtcac ctcccggtt 660
   tgccgttcag atggggctcc tgaggctcag gagtgaagat gccacagagc cgggctcccc 720
   taggctgcgt cgggcatgct tggaagctgg cctgccagga ccttccaccc tggggcctgt 780
   gtcagccgcc ggccctccgc accctggaag cacacggcct ctgggaagga cagccctgac 840
   cttcggtttt ccgagcacgg tggttcccaa gaattctggg ctggcggcct ggtggcagtg 900
10  ctggagatga ccccagccc ctcccgtgg ggcacccagg agggccctgc cggaatgtgc 960
   agcctgtggg tagtcggctg gtgtccctgt cgtggagctg ggggtcgtga tctggtgctc1020
   gtccacgcag gtgtgtgtg taaacatgta tgtgtgttac agagagacgc gtgtggagag1080
   agccgcacac cagcgccacc caggaaaggc ggagcgggta ccagtgtttt gtgtttattt1140
   ttaatcaaga cgtttccctt gttttcctat aaatttgctt cgtgtaagca agtacataag1200
15  gaccctcctt tgggtgaaatc cgggttcgaa tgaatatctc aaggcaggag atgcatctat1260
   ttttaagatgc tttggagcag acagctttag ccgttcccaa tccttagcaa tgccttagct1320
   gggacgcata gctaatactt tagagaggat gacagatcca taaagagagt aaagataaga1380
   gaaaatgtct aaagcatctg gaaaggtaaa aaaaaaaaaa tctatttttg gacaaatgta1440
   attttatccc ccatgggatg cttgggtatg gcggggggga ggc 1483

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 117:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1347 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 117

```

45  tgaggctctt catgactgca agtggtatat tggactggat ggtcatgaag tccctttcat 60
   agccagagat tttgtgtggc tgctaaaatg cttacatctc tggctatgaa agggacttca 120
   tgaccatcca gtccaatata acacttgtag acagagaaac tgaggctctt catgacttgc 180
   ctagtctccc agctagtttg aggcaaaact ggattccac tctggtatc tttcttccct 240
   ttacatcatt ttccctcctt tataatgtcc tgagagacca gaactcacac cagaatcgat 300
50  tattcctcag gtgaagcata gactctttca tggtagacag atttcacgac tcagagatag 360
   aatctctctg ctatcatcag gtcacgggca gtcctgtgg agtcctgccc aacttatgtg 420
   gcttcataa aatggcaaca gtccaggctc cttgcctaatt ttagagcat taactcccta 480
   attgccagta agcaaggagg tggatctctg caaacctaca ctgtctatga cagctctagt 540
   tgtacttggt gtgactaaat acctcaaagg caacctgctt ctgcaggttt tgaagtgtca 600
55  gcttcataag aactgaggt ttagaattgt ttgattctag accataactg aagggcataa 660
   atggaaacag gatatgaagg gaaacaagta gcatcatgga gctgaaaagt ggtgcatcac 720
   ccaatggcta gcacaaacaa ggatcacact gtccattctc ttgtctgcta aattaagcat 780

```

```

tttcttgccct cctttgcttc atcttttcac aacagctgga tagagggatc agaaatgact 840
gtgtcatggg gctcattcac tgcaaaactcc cagttgcaag ctcttggtc cccccggagg 900
gagcaagaat ctcaatgttc agagacacag agggcctttt agccctaatt accttttggg 960
tgggactgca actcatgact atcctgatat tgggaagaaag gactttgtta atcttctccc1020
5 ccatagctct gctgcgtagg tctacatctt actcagaatc actacacatt ccttttagtct1080
tcttccaagc tccagagcca ttggtacaaa tgctttattg aaactaaata cataatacac1140
acaatgagat gaagacaata tagaagtcctg catagtcac ataatcccgt tccttggtccg1200
gttgaggcag ctgagtggtg gagcccagtc aagccaaccc gcagcttcac tcacgacttc1260
aagatttgat gctaattctt ttggatttct acagttatta aataagtgct tgagtggaaa1320
10 aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaat 1347

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 118:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 15 (A) LÄNGE: 1683 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

30

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:118

35

```

aattcggcac gatgggggga atctccgacc ccgacaccct acacatctgg aagaccaaca 60
gccttcctct ccggttcttg gtgaacatcc tgaagaaccc ccagtttgct tttgacatcg 120
acaagacaga ccacatcgac gcctgccttt cagtcacgcg gcaggccttc atcgacgcct 180
gtcctcatctc tgacctgcag ctgggcaagg attcgccaac caacaagctc ctctacgcca 240
40 aggagattcc tgagtaccgg aagatcgtgc agcgctacta caagcagatc caggacatga 300
cgccgctcag cgagcaagag atgaatgccc atctggccga ggagtcgagg aaataccaga 360
atgagttcaa caccaatgtg gccatggcag agatttataa gtacgccaag aggtatcggc 420
cgagatcat ggccgcgtg gaggccaacc ccacggcccg gaggacacaa ctgcagcaca 480
agtttgagca ggtggtggct ttgatggagg acaacatcta cgagtgtac agtgaggcct 540
45 gagacacatg gagagttggt caggctgctg ctgggagaaa tggacgcca ctgggcctca 600
acttgatctt ctaccctgtg cctgtgactc agactgggaa atactgagca gagacggctg 660
gggcgggggc aggaggagg gctgctctct gagacagggg cgccccgcc ttgacctgtg 720
ggcacctcca tccctccca cctgtcccca gatcagctc tgggatggag gccagagagc 780
tggtcaggct cccccatctg ccagcacgg cctgcactgt gccaccac ttgctccaca 840
50 acgtccagtt ggtcctgctg ccaagagccc cgtgcatcca ggcgccaag cacaaactgg 900
gggagaggag gccgccagcc cggaggctgc agcccagaaa ctctacctca tccacactgg 960
tgcagggagc cctccttgaa ctgacctttg attggtttct gttcacta ccaaatgtt1020
atctcactt cccctcacc cgtagaggat cctggccaca gacagtttca agtagtgtca1080
gatttttgtt gcttgggcgg ctgttggtag agtgggcagt gcccgcgcca tggggtgctc1140
55 tgtgggcttc tccaggagca gggagggtgg aggggaggga tggggggcac aggagctggg1200
agccccgtct ccaggaag gagagggtt aagatgcacc gaggtgtag ctgggctact1260
tgatcttgct gaaagtgtt ctaaagatag caccactttt ttttttaaag cttttatata1320

```

ttaaaaaacg tatcatgcac caactgtgaa tagctgccgc ttgcgcagag gacccgggga1380  
 ggggtccccg gaggtcccc atgcaacact ggaaatgact gttccagaga gcgggcagac1440  
 ctggcagagc gcccctggcg cctgagacta ccaccactc cgttcctgcc agaaacgacc1500  
 ctctgtggcc gatgggcat gcgggccct cgcagccaac tcagccagtg ttgggactgg1560  
 5 ctacagagccc atgggggctg gaggggggca gctgggactc tggaatcttc tttataataa1620  
 aagccttacg gacaaaccta aaaaaaaaaa aacaagacaa gagagggaaa gggaaagaag1680  
 ggg 1683

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 119:

10

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1355 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

25

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 119

acaagcatgg aagctttact gtttcggctc ttcaaacttc cagcaactac actgcggtgc 60  
 atcggacttc gacgcccgtt ggtgacgcac acgctgcgcc ggaagtgtga acacaaagcc 120  
 35 tccaggcttt gtcatggcgg ctgtgctgc acgttggaac catgtgtggg tcggcaccga 180  
 gactgggata ttgaaagggg taaatcttca gcgaaaacag gcggcgaact tcacggccgg 240  
 aggacagccg cggcgcgagg aggcagttag cgcctgtgt tggggcaccg gcggcgagac 300  
 ccagatgctg gtgggctgcg cggacaggac ggtgaagcac ttcagcaccg aggatggcat 360  
 attccagggt cagagacact gcccgggcgg ggagggcatt ttccgtggcc tcgcccaggc 420  
 40 cgacggcacc ctcatcacat gtgtggattc tggattctc agagtctggc atgacaagga 480  
 caaggacaca tcctctgacc cactcctgga actgagagtg ggccctgggg tgtgtaggat 540  
 gcgccaagac ccagcacacc cccatgtggt tgccacaggt gggaaagaga atgctttgaa 600  
 gatattgggac ctgcagggtc ctgaggaacc tgtgttcagg gccaagaacg tgcggaatga 660  
 ctggctggac ttgcgggttc ccatctggga ccaggacata cagtttctcc caggatcaca 720  
 45 gaagcttgtc acctgcacag ggtaccacca ggtccgtgtt tatgatccag catcccccca 780  
 gcgcccggca gtcctagaga ccacctatgg agagtaccca ctaacagcca tgaccctcac 840  
 tccgggagcc aactcagtga ttgtgggaaa cactcatggg cagctggcag aaattgacct 900  
 tcggcaaggg cgtctactgg gctgtctgaa ggggctggca ggagtggtgc gtgggttgca 960  
 gtgccaccct tcaaagcctc tactagcctc ctgtggcttg gacagagtct tgaggataca1020  
 50 caggatccag aatccacggg gtctggagca taaggtttat ctcaagtctc aattgaactg1080  
 cctcctcttg tcaggcaggg acaactggga ggatgagccc caagagcctc aagaaccca1140  
 caaggtgccc ctagaagaca cagagacaga tgaactttgg gcatccttg aggcagctgc1200  
 caagcggaag cctcgggtt tgagagcagc ccaaggagct ctccaaacga gacggagaaa1260  
 gaagaagcgg cctgggtcca ccagccctg acgcccctgt gccactttg taaataaaact1320  
 55 gctgaacacc caaaaaaaaaa gaaaaaaaaa agggg 1355

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 120:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1816 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 120

```

ggtcagagag attctgaaaa gtaatccaaa gtgttcgcta gctaaacatg gtgcaggctc 60
gttgtaccac tgcaaccgac tgacgttact gtagttccta gaatgctgtg agggcggggg 120
gttcagatca acataaagcc taacttgtctg gagttgtagt ctcaaggctt tctctcttgc 180
ttaactaaaa cctaaggacc actgtttttg gtagcaatta tatggttact atccactgca 240
gtcctcagtt gttggggtaa atcccacatg gcagagtaag gcaccccaca gaaattaact 300
tggagagcct gagaaattcc cagtggcctt ggcatagtctg tctagaacac catctctagg 360
aaaatttaat tctgtccctg gccagctatt gttcttccac ttcgttttct gctgtcccaa 420
ggccagatga gtggaatcac catctgactg ttgtcaataa aatgtatctg gcgtgaacag 480
caggataacc catgttctcc acataaggat aaccttacgt gaaaccttcc tgctgacaac 540
catgcagagg aatttttcca cttaagtcag agccttcctc cccatctgga attcacagct 600
gttccctggc agcacacagg agggatttaa ggaccttgtg gaggctaggt acactgtcca 660
cacctctttg gggaagtac gatttttttt ttccatcata attcagctc ttcttattct 720
acagtgtgca ctttatgcct ctgcctttt gataatagtt gttcagtga ggaagtgcgc 780
tgccagaata ttaagaaggg tctcccttta tgctagtaca actgttaggg cggccttccc 840
atttacttta ggtttcaaga ggattcacgc gaagcacatg ccccggtcta gtcccatttg 900
aaacagttct gctttactga gaccctaggc cggctctcct gctgacccta gcgctgctgc 960
ctaggtgcca tttcctttcc tctcagtc aatacaggct gcacattttg tcaactaatg 1020
ccagtacaat ctgtgttact cctaaggact tttgggattt tgatgagacc tgcgaggagg 1080
aagacactga gaagccagtg atctgcaagc atttgctctt gtttccacat cactctggg 1140
atatttcagc tgttgtttcc aaatggcaaa tcatcaacta aaagcacttg tttcaagttt 1200
tgttctgcac tcccacgact gaagtgttag attgagctga ataaccatgg gaagtgacca 1260
agcaaagaca ctgattgga gtcagttaga tatttgtacc ctgagtggag cccttctggt 1320
cttttcttcc acttctgcag aatttctctt agcaaatact tctttctcct tgcttgctct 1380
caccatgata tttgaataag agatggccag aggataaac ttgtctctta aaaactaagc 1440
taaaaaaagc ctagaacctt caattgagca gttgtgaaaa ttgctaattg tgccaaggcc 1500
aagcaaagag tttcagaaaa tgactgagaa ggagcgataa cccccagaat gcaaaatcag 1560
gggcatcatt atccggtgct tgaacaagga gctccgctct acaactgggt tttttaggac 1620
ttgtgaggaa cacagcaacg gaaatccatc cacaaaggat gcagtgcctc aacttgact 1680
gcgcctgaat agtcatgtga taatttactg aagaaatcta gtgtacttta aatttttttc 1740
ataaaagttt acattgtatt gtaggttaac attaaatgtt ttatagcaaa aacttcaaaa 1800
aaaaaaaaa aaaaaa
1816

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 123:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 740 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:123

```

tttagaattc agcataggtt gaggtcagaa agcaattcag gcatgagcca ccgtgcccgg 60
cttcacaccc atttctttaa aaaggatccc gtagcaggca gaaaagcccc ttccatcctg120
ctcctctgat actgtgcccc cttggagata tttccgtcct ccaccacgt gtctgtggct180
ggaactgccc agcctgctcc tggccccctg gaagcctccc cacagctggt aatctggact240
taaggattgc tgggccaccg cctctctgcc taccaccatt ccatatttaa gtggagcccc300
tacgtagaaa ggccccgggg ctttatttta gtctcctttt cagggatgtc gtgggcgggg360
gagggggttc ttggtgctac agccctctcc ccaccctaa agggacgccg acgctgtttg420
ctgccttcac cacatattag tgcttgaccc tggcagggga ccccatggaa aagatgggga480
agagcaaaat acatggagac gacgcaccct ccaggatgct cgctgggatt cccacgcccc540
ccactgtccc ccaccccatg gctgggaggg gcctctgaac ggaacagtgt cccacagag600
cgaataaagc caaggcttct tccccaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aagatagggt660
agttaaggcg gccgaaagtt tttttccctt tagtaagggt tagtttttag tttgggggtg720
gccttcggtt ttaagaacgt                                     740

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 124:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1493 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 124

```

aacacctgcc ctggttcagc gcttttagga gggcggtca ggcgccccg agcaggcaga 60
gtgctggag ctgctgtgg ccctgggcga gcctgcggag gagctgtgc aggagttcct 120
ggcgcacgcc cgcggccggc tggagaagga gctgagaaac ctggaggccg agctggggcc 180
ctcacctccg gctcccagc tgttagagtt caccgacat ggaggcagt gcttcgtggg 240
cggcctctgc cagggtggcg cggcctacca ggagctgttt ggcgcccagg gccagcagg 300
tgccgagaag ctggcgccct tcgcccggca gctgggcagc cgctattttg cgctgggtga 360
gcggcggtg gcgcaggagc aggggtgtgg tgacaactca ctgctgtgtc gggcgctgga 420
ccgcttcac cggcgcttg gggctcccgg ggccctgtg gccgctgcc ggctcgcaga 480
cgctgccacg gagatcgtg aacgagtgg ccgcgagcg ctgggccacc acctgcagg 540
tctccggcg ccttctctg gctgcctgac agacgtccg caggcgctg cagcacctc 600
cgtggtggg aaggaggggc ctggcctggc cgagtgtgt gccaatgtg ccagctccat 660
cctgagccac attagggcct ctctggcagc agtgcacctt ttcaccgcca aagaggtgtc 720
cttctccaac aagccctact tccgggtga gttctgcagt cagggtgtcc gtgagggcct 780
20 catcgtggc ttcgtccact ctatgtgcca gacggctcag agcttctgc acagccctg 840
ggagaaggg ggtgccacac cacctgccct gctcctgtg ctctcccgc tctgcctgga 900
ctacgagac gccaccatct cctacatcct cactctcact gatgaacagt ttctggtgca 960
ggatcagttc ccagtgcgc ccgtgagcac gctgtgtgca gaggccagg aaacggcgcg1020
gcggctgtg acccactacg tgaaggtgca gggcctggc atatcacaga tgctgcgca1080
25 gagcgtggag actcgcgact ggctcagcac tctggagccc cggaatgtg gggccgtcat1140
gaagcgggtg gtggaggata ccaccgccat cgacgtgcag gtggggctcc tgtacgaaga1200
gggtgttcgc aaggccaga gcagcgactc cagcaagagg actttctccg tgtacagcag1260
ctctcggcag caggggcgt acgccccag ctatacccc agtgccccga tggacacca1320
cctcttgagc aatatccaga agctattctc tgaacgtatt gatgtgttca gccctgtgga1380
30 gttcaacaag gtgtcgtgtc tgaccggcat catcaagatc agcctgaaga cgcttgctgg1440
gagtgtgtgc gggctgcgaa cctttttggc cctttgcggg cttcaacaag ggg 1493

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 125:

35 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 250 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

55 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 125

ccagactgaa ttgtcagtga gcgatctga gggcggtgtg gaggggccag tggggcttgg 60  
 ccgagatgga caaccggatt ccttatgatg actagccggt ggtttcttgc ctgcctatga 120  
 gaatcctcca gcatggaatc ctctcatga gagggtacac agccggacta caacgatgag 180  
 ttgaccaggt tttggccga accatcacac tgaagaagcc tcctggagtc attgggatta 240  
 5 agatcgaggg 250

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 126:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1202 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

### (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

### (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 126

tcgggggggag cggcgcgggcg ggcgaggagt tggttctaaa gagggtgag tcagaagaga 60  
 cgtcaggcag caagcgactt gggccatggc ctctgacctt gacttctcac ctccggagggt 120  
 gcccgagccc actttccttg agaacctgct acggtagcga ctcttccttg gagccatctt 180  
 ccagctcatc tgtgtgctgg ccatcatcgt acccattccc aagtccacg aggcggaggc 240  
 35 tgaaccgtct gagcccagaa gtgctgaggt gacgaggaag cccaaggctg ctgttccttc 300  
 tgtgaacaag aggcccaaga aagagactaa gaagaagcgg tagaagagga ggcctgagga 360  
 gctgggaggg caggagaggg gtcttgggga cagccctcct gggaatctac attgtgttcc 420  
 cccgattcc aggtcagggt tctgaggagg ctgtgacgcc ctatgaccgc agagatctag 480  
 acagtcgtaa cagtccccag gctccagctg ggcaatccac cacttctctt tccttctgct 540  
 40 tctgtgacgg tttagagtca agggggctga aacacactgt gagcatagac tgtattaggt 600  
 ttgttcagaa gccgggtcag ctacacagat cacattttct tgcttagtca tgtgtccctc 660  
 cttgagttgc cccctccttg tgggtttaca ctacattttg gaggcattgt ctaatgctga 720  
 caagcacacc ctctcccat atttgtgcac tacagatctc ctgctgatca gtcacctttg 780  
 ttgctgctgt gtagacagag ccaggcctca cctgtttgtt taggccaaga tgccatggac 840  
 45 atgcagcgtt agtgatccca ctagctgtga cagccaggcc cagaaaatgc ctggcgtgag 900  
 agccagcaga cagccaggcc aggggtaggc agtgctgct tctgctccat cagggtgcagg 960  
 ggatttggct gaaggcgtgc atatttcctg ggcacaaact tcctgagcct ctgaaatggg 1020  
 aggtcgtgca atttcagacc aacctctttt caaccatca tagcacgttc aagggtgtgcc 1080  
 ttttacttct acctgtacat cccccatccc ttcaattctt tcattccctg accagtgcag 1140  
 50 ggggttcctg ggggaagtat gtgaataaac tgacatgcat gcttcagaaa aaaaaaaaaa 1200  
 aa 1202

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 127:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1014 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 127

20 cccttttttt ttctttttga gatgggggga aagtcctagc aaaaggcagg agttagcatt 60  
 ttcttttaac aagactttct aatgctaaac aaagaccaac ttctttttaa aggggttggt 120  
 ttgggtgtgg gtgaaaaata ctgtactgta atgatctgct tggtttttaa gcaaaagaga 180  
 tcctgacatg tgaacccaat acacccaaat gccaaagtcca caaatgaaca aaacaagtgc 240  
 25 ttaaaaaaaaa aattcttctg ctcttatatt tttggaggaa gctgctgatt ttggctgtca 300  
 gatttcactt agaaatgggtc actttctgag atgctttttc ctacacagaat ctgtagataa 360  
 actcattaaa agattgtccc atttcaaaat caccocccaag tctagcagca ctgttttttt 420  
 ttttttttagt ttttggtttta aaattacaaa ccaagtaaga agtccaacat cctcttccat 480  
 gaacagcttt gtgacagagc tcctgagtggt gtgcagcccc cactgtgctc tgaatacagt 540  
 30 ctctgcagct ccagtggtgc ctcttttcag gaaggaaagc atattcaata cattcactat 600  
 ctgtaccccc tggaacttgc acatgctgac gagctattat aagccaactc atccccagct 660  
 ctcttccggg actggtcacc ccttgtaaaa ccattctgta taagttctct ttgaaatttc 720  
 tgatcttgag cagcatattc agaaagttca gattccaccg ccggaggagg aatgtttgga 780  
 ataaatttag aaaatagagt tggagccatc tgaaccactc ctggtctgag ggtatacagg 840  
 35 cctttcacaa tatttgccat agttgaaggt gtgacctgaa atgggtgttg ctgggcttct 900  
 aaaagtaaag gcattaggcc gtaaagtgtc tttctgcaa catgttccgt aaacagcttt 960  
 ataagggcac cttaagccc gggtgaagctg gtccatggga acctatcgtt ttg 1014

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 128:

- 40 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 1171 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 45 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

50 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

5 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 128

```

10 cacc aaatta atcagg tttta cagacagg gt cccacc ggta ttcacatt ct tgtagt gat 60
    cagatgg ttc agaatt tttca agatgag agt tgtttttt tat tctccac agt aaaagct gaa 120
    agtagtg atg gcatcc acat aatttt gaaa tgatgt cttta tatagact ga actgtatt ca 180
    gtaccaa ata gtcacg cttta aaagtgt gtg aagact gaat ccaaga agtc ttgggatt gg 240
    attttacc at atgaaat gtt tcatatt gaa aacaca agat gaccttt cta atgagct gta 300
    tgagagg tga atctcct cac tgtcact gcc atagcca agc atcctcat ga gaggtag cac 360
15 atcggcac ag catgcat cca gctctg gagg ccacgg tgca ggcatag ctg cctgctg ctc 420
    tggcagagg c cagtaa atac agttcct aga agcagc cttt gctgtc tttt tacactg tat 480
    gcggttt gga aatgaat gta gaaact tact gtgggc attt accttt ctgt gccagttt gg 540
    cttttatt gc ctgaacc tta tgctgac ctg gagagg agat gggggac agt gctgtt gtgg 600
    ggccagc agt gaatct gtat gcggag agtt gtgtt gtgct gatgtgg ccg ttggtgg tca 660
20 ggtaagagg c tcggcac ctt cttgga agaa atcatgt ctg aggggt gtacg ttgatata ga 720
    tcatgcc aga ttggaga aga tccaag ccag gaagat gggc ttgaag caaa ctgcatt atc 780
    aggagt acc tggtag agg atcagt gtaa atccta atag gtacaa agac ttttgt gttt 840
    tggcttt gtc acagatt tat tgaaaa actt ttttgc tttc gcttcc attt ttagcat ttt 900
    agtttct ggt tttcatt ttt ggagatt cct tgccttt taa actcgt ggtt tttctc tcat 960
25 tttcttc cct ctctcc cctcc atctct gacc accccc accc taaccccc ca cccccacc at1020
    cctattaa ac atttttt aaag ccctaccccc gacatt ggga aatagg ttgga cccaag tagg1080
    gggggagg aa agtatt gatt tgtttg gata ggctt gtgga ttaggg ttgt aagggg ttct1140
    tggattat gg aacaagg ttg aattttttt t g 1171

```

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 129:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 353 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

35 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

50 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 129

```

55 ggccggg acg cagggc aaag cgagcc atgg ctgtct acgt cgggat gctg cgccctgg gga 60
    ggctgt gcgc cgggag ctgc ggggtg ctgg gggccc gggc cgccct ctct cggagt tggc120
    aggaag ccag gttgcagg gt gtccgc ttcc tcagtt ccag agaggt ggat cgcatt ggtct180

```

ccacgcccac cggaggcctc agctacgttc aggggtgcac caaaaagcat cttaacagca240  
 agactgtggg ccagtgcctg gagaccacag cacagagggt cccagaacga gaggccttgg300  
 tcgtcctcca tgaagacgtc aggttgacct ttgcccaact caaggaggag tgg 353

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 130:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 205 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

10 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

25 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 130

30 cggtgagcgc gccccgcagc caacccccga ggagcgccgc gctggcgctgc cgctggcgcc 60  
 caggagtgtg ggatgtccta caaacccatg cgcccctggc tgcccagcag caccacctgg120  
 tctgccaggc accccctggg gcccggggca ccccggttcc ctgacaggga ggcgtgcgcg180  
 tgcgcctgctgc ggggctgcag tgtcc 205

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 131:

35

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 211 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

40 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

45 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

50 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 131

5 aaatcacctt acaaccatt tctcagaaca tgtttctatt gttaaacaac acacaactat 60  
 tttatttatg tgttttatgt atgcctgac accaatatca ataactgaaa cacagcagtt120  
 tagtaataat ttaatacaca ccataacctg cctattgaga atggcattat atttgttttc180  
 attgtagtgg ctccatccaa aataaaatga t 211

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 132:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 867 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

15 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

30 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 132

35 gtcttcccaa gatggagatg ctaacgaaac tgagaagggg gcgtatgttt gacgaaggtt 60  
 tgtgcaagtc aggcccttct ggaacacagc agggcctaca acgaggggcc tttgcatgg120  
 gctgtgagga tgggggtggt ggaagaatt ggccacgtta gagaccccat gccacccac180  
 catggtgagt gctctgtgcc tctgtctcac ctgtgtgag tggcgagct gggcgagctg240  
 ggcgagctgg gctggggaga gcctgtgagg accgagagga gaaatgagaa gaaggacaa300  
 aaatattatt tctatgtaat ttatatTTTA cttatgcaa attatttatg ataatttgcc360  
 40 attgctatac tgtaccagt tcaaatgctg cagcctgcca agctgtgatt ttgtgaggct420  
 tgtccctatg taggatgcac cgcaggcccc tggccactga aagagtgtgc agtggactgt480  
 gggctcctca tatgctgtgc cgcccaaagg tggctttgcc tcaagcaacc taccctgatg540  
 ttttactcat tggaaatgtt ttccccgatt gtggatgact tcttttctga tggagagagt600  
 ccaggaggga tggaaaacgc ctggatttaa gctcagcat cccacatgg gcttttcgat660  
 45 catcttcagg cctgaagctg cagacctga agttcgctg catttatcag ccctctttgt720  
 gctgtcctt gccaccttg ggttctgtg ggggaccatg tgtggttg gcatgtgtga780  
 gcagaaggga ggatgaggaa aaaagagaag gaaacccccg ttagtgacaa gtgtttttt840  
 gagttgccag gttttgcat cattaata 867

50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 133:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 257 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

55 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 133

```
aattcagact cccattctta acttggcatt tttgtagctt acaggaacca gcttggtgta 60
ccttctctta tgagatgcag ctggaaagcc atttatgcaa gagtggtgtt cacttttgct120
gctcctccat tcattgaccc ttcagccttt aaaaaattag aatgtgaaaa ttagtagcaal80
agagtgcaga gatattagct taagggataa ataaatgaaa gtagcaagta gctcattatt240
tatgaagagt aataatt                                     257
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 134:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 204 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 134

```
gactggctca tggcctctgt aaatggctgc tggcgggact gtctgcctag cgggtgccct 60
tggaacctag cccttggtgg gttttgagga aatgattcct gaatgaggag tcgattgccg120
tgtgaagggc tgggtggcacg gcacccgcgt gagctacgcg tgccctcagt gcgcttctgg180
attgactggc catgggtgct caca                                     204
```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 135:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 245 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 135

```
ttgcaccatg gtaaactggg ataatacagt atcatttttg agcagttttt taaatgtaaa 60
tctgtatctt actcagagtg tgtgtctgaa gttattaagg acatttccca acgttactgg120
cccatttccc ttgttaatca gaggaattct gtttcaagat tattgttggtg tgtgatctgt180
ggctcttgat cagaatgaag tttaatggcc acaggaggat taagctatga ggttggcatt240
tttca                                         245
```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 136:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1637 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 136

```

5  ggggagggac gagtatggaa ccctgaaggt agcaagtcca ggcaactggcc tgaccatccg 60
   gctccctggg caccaagtcc caggcaggag cagctgtttt ccatcccttc ccagacaagc 120
   tctattttta tcacaatgac ctttagagag gtctcccagg ccagctcaag gtgtcccact 180
   atcccctctg gagggagag gcaggaaaat tctcccggg tccctgtcat gctactttct 240
   ccatcccagt tcagactgtc caggacatct tatctgcagc cataagagaa ttataaggca 300
   gtgatttccc ttagggccag gacttgggcc tccagctcat ctgttccttc tgggcccatt 360
   catggcagggt tctgggctca aagctgaact ggggagagaa gagatacaga gctaccatgt 420
10 gactttacct gattgccctc agtttggggt tgcttattgg gaaagagaga gacaaagagt 480
   tacttgttac gggaaatatg aaaagcatgg ccaggatgca tagaggagat tctagcaggg 540
   gacaggattg gctcagatga cccctgaggg ctcttcagg cttgaaatgc attccatgat 600
   attaggaagt cgggggtggg tgggtgggtg gggctagtgt gggttgaatt taggggccga 660
   tgagcttggg tacgtgagca ggggtgttaag ttaggggtctg cctgtatttc tgggtcccctt 720
15 ggaaatgtcc ccttcttcag tgtcagacct cagtcccagt gtccatattc tgcccagaaa 780
   agtagacatt atcctgcccc atcccttccc cagtgcactc tgacctagct agtgcctggt 840
   gcccagtgac ctgggggagc ctgggtgcag gccctcactg gttccctaaa ccttgggtggc 900
   tgtgattcag gtccccaggg gggactcagg gaggaatatg gctgagttct gtagtttcca 960
   gagttggctg gttaggcctt ctagaggttc agaataattag cttcaggatc agctgggggt 1020
20 atggaattgg ctgaggatca aacgtatgta ggtgaaagga taccaggatg ttgctaaagg 1080
   tgaggggacag tttgggtttg ggacttacca ggggtgatgt agatctggaa cccccaagt 1140
   aggtctggag gagttaaggt cagtatggaa gatagggttg ggacagggtg ctttggaatg 1200
   aaagagtgac cttagagggc tccttgggcc tcaggaatgc tcctgctgct gtgaagatga 1260
   gaaggtgctc ttactcagtt aatgatgagt gactatattt accaaagccc ctacctgtg 1320
25 ctgggtccct ttagcacag gagactggg ctaagggcc ctcccaggga agggacacca 1380
   tcaggcctct ggctgaggca gtagcataga ggatccattt ctacctgcat tcccagagg 1440
   actagcagga ggcagcctt agaaaccggc agttcccaag ccagcgctg gctgttctct 1500
   cattgtcact gccctctccc caacctctcc tctaaccac tagagattgc ctgtgtcctg 1560
   cctcttgctt cttgtagaat gcagctctgg ccctcaataa atgttcctg cattcatctg 1620
30 caaaaaaaaa aattttc 1637

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 137:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 35 (A) LÄNGE: 260 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

50

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 137

55

```

aaaagcatag ctcaactctgt aataggctat tttcatgatt tcaagtgggt ttatgaagaa 60
acagaaagca gtgatgatgt tgaagtgtg actctcaaga aattcaaagg agacctggcc 120

```

tacagacgac aagagtatca ggtagaattc aacatatggt gcttgaagtg ggctcttgtt180  
 ttatcagtta tggcatatgt aaataacagt gtaccaagtt agtgtggtgt ttatgaagat240  
 gagtttaatc ttttgtgatg 260

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 138:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 957 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

10 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

25 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 138

30 ggggaatttg tctttggaaa gcttgtgcaa cctctacaac tggcgataca agaatctagg 60  
 aaacttacct catgtgcagc tcttgccaga gtttagtaca gcaaatgctg gcttactgta120  
 tgacttccag ctcattaatg ttgaagattt tcaaggagtg ggagaatctg aacctaatacc180  
 ttactttctat cagaatcttg gagaggcaga atatgtagta gcacttttta tgtacatgtg240  
 tttactttggt taccctgctg acaaaatcag tattctaaca acatataatg gccaaaagca300  
 tcttattcgc gacatcatca atagacgatg tggaaacaat ccattgattg gaagaccaaa360  
 35 caaggtgaca actgttgata gatttcaagg tcaacagaat gactatattc ttctttctct420  
 ggtacgaacc agggcagtg gcatctgag ggatgtccgt cgcttggttag tggccatgtc480  
 tagagccaga cttggacttt atatcttcgc cagagtatcc ctcttccaaa actgttttga540  
 actgactcca gctttcagtc agctcacagc tcgccccctt catttgcata taattccaac600  
 agaactttc ccaactacta gaaagaatgg agagagacca tctcatgaag tacaataat660  
 40 aaaaaatatg cccagatgg caaactttgt atacaacatg tacatgcatt tgatacagac720  
 tacacatcat tatcatcaga ctttattaca actaccacct gctatggtag aagaggggtga780  
 ggaagttcaa aatcaagaaa cagagttgga aacagaagaa gaggccatga ctgttcaagc840  
 tgacatcata cccagtccaa cagacaccag ctgccgtcaa gaaactccag ctttgagcg900  
 tgagagccgc cccggtgggg aaggggcaat tgcgttgggg gggcttgggt gtttttt 957

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 139:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 760 Basenpaare

50 (B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

55

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 139

```

15  gtggaataca atagatatta atttgtggtt gggttttctg cctgctttaa atgaaatgta 60
    ttatgtttct ggggttccttt tttagctgta aaaatacttc gtcactaaag catgaaattt120
    aatcagcagt tgttcttcaa gttcctgaaa gctataaaaag tttctcatga cttgagtgg180
    tttttccctg cccaccagag gagaaagccc ttgtagaatt ctgcagtgtt acaagtgttc240
    cctacaaaaa ctgaaacat cagctcctct ttaacaagtt ggctttttaa aagcacgtaa300
20  ttacaattta atgggtattct gtaaagtggg gctctaggca taatttaa tctttttaat360
    gactatattt cttcaaaact ttgaaagaaa aatgtgttct ttttgctgca tcctttgtaa420
    gaagactgcc aacagaggaa aaaggacttt acaaattaag accatcttgg tttcatttcc480
    acaaagatga gaacaaatca tgggtgttagg aaaggatcct tagaagaaca caagaatttg540
    aaagcccttg gtggttatca ctactatatt tcatatttcc acagaagtga cttagccaag600
25  ctctgcattt tgagcctgct gactttcatt taaaaggaat gaaaggctga aaatccaggc660
    tgctgtgtct gtagataaag gtcaaaccat gtttgagttc ttcactgttg tgtccaccta720
    aataaaactg agtaagtaat gaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 760

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 140:

30

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 280 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

35

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

45

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 140

```

aggaaccctc cggcctagaa gttcagatgt cttgccaaata tatctgtgct tcacaacttg 60
cctactctct ctgacccta acattttcac atacttttcc aattctgcct gtcataaatt120

```

tgctgcttcc ccctaagtag aatgttgatt cctgtcaaac acacagccta gccctgattc180  
 ctccctcttct ctcaagcagt gatattgtca acaatgataa acaactacta tgtactgagt240  
 gtttttttat gtgctgctca cactttatac acatgtatag 280

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 142:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 461 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

10 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

25 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 142

30 ggggcccgtc gaggggaagca cccgccggtt ggccgaagtc cacgaagccg ccctctgcta 60  
 gggaaaaccc ctggttctcc atgccacacc tctctccagg tgccctctgc ctcttcaccc120  
 cacaagaagc cttatcttac gtccttctct ccatctatcg gaccccagtt tccatcacta180  
 tctccagaga tgtagctatt atgcgccgt ctacaggggg tgcccgaaga tgacgggtgcc240  
 ttgcgagtca aattactctt cgggtcccaa ggtttggtt tcacgcgctc cattgccccg300  
 gcggtggcagg ccattccaag cccttccggg ctggaactgg tgcggagga gcctcgggtg360  
 35 tatcgtagc cctggtgtg gtgttgctc actcctctga gctcttctt ctgatcaagc420  
 cctgcttaa gttaaataaa atagaatgaa tgataccccg g 461

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 143:

40 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 436 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

45

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

5 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 143

10 caaagatgtc atgtggccag aatcatcttt tagtctcacc actccacact gatggtcaca 60  
 tagaggtgtg agttgggaag ttgttaaata caagagggtt tgagcttctg gagaagagga120  
 aaatgtaaaa gtattttttc ctttaagaaa gataaaaagg taagcctaaa ccttggcggc180  
 caccgaagtc agctgttacg catgtgtagt taaatttcac tgtaaatatt tcataagggt240  
 tcttagaatg gagccaggtt gacatcacag ccccaactgt accaaaggaa ccatttcatt300  
 caaataagcc aacatttcca aagaaacacg aatgtctatg gcagagttaa cataagggtca360  
 15 gaaaatcctc tggaagaaat ttcggtatca atgtttataa tctctgcatt taggggtttg420  
 ccagtttggg caaaaa 436

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 144:

20 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 287 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 144

ctttaaagta gggctgtgga agggggatat agtagagggg gagagggctg ttttatacac 60  
 gtataaatgg tataccat ttatacacgg tggcagaga agctctgac aggtgacgta120  
 tgtacagaaa gtcactgtgg cctgagtaga gtcaaggaga aggagcagca agagttgagc180  
 45 ttagggaggt ggagaagggg tggaatagat caagcaagac cttggccctg gtagggatct240  
 gggattttaa gtgagaggac aaccgttggg atgttgtgag cacagaa 287

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 145:

50 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 555 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 145

```

ggcgacgcct cgggtactgac ctctgcagag cggggtggag cccattgacg tccagcgaac 60
gaggagcagc gatggacggt cgggtgcagc tgataaaggc cctcctggcc ttgccgatcc120
ggcctgcgac gcgtcgctgg aggaaccgga ttccctttcc cgagacgttt gacggcgata180
ccgaccgact cccggagttc atcgtgcaga cgggctccta catgttcgtg gacgagaaca240
cgttctccag cgacgccctg aaggtgacgt tcctcatcac ccgcctcaca gggcccgccc300
tgcagtgggt gatccctac atcaagaagg agagcccct cctcaatgat taccggggct360
ttctggccga gatgaagcga gtctttggat gggaggagga cgaggacttc taggccggga420
gaccctcggg cctgggggcg ggtgctctgg ggagggtccg ctgtgttact ggccgccc480
agggtcgcca ccggcgccct ccctccgcga gtccctcccc ctcgaaaccg ccgcgaagtc540
ccctgcgtg ctgtt 555

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 146:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1790 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 146

```

agtgagaaag cagggactct tcggcctagg cagccgggac ccagccagcc ctgcgcctcg 60
cgccgtcgcg catgcgtcct ggtctttctc tagagttgta tatatagaac atcctggagt 120

```

ccaccatgaa cggacagttg gatctaagt ggaagctaat catcaaagct caacttgggg 180  
 aggatattcg gcgaattcct attcataatg aagatattac ttatgatgaa ttagtgctaa 240  
 tgatgcaacg agttttcaga ggaaaacttc tgagtaatga tgaagtaaca ataaagtata 300  
 aagatgaaga tggagatcctt ataacaattt ttgatatgtc tgacctttcc ttgcaattc 360  
 5 agtgcagtag gatactgaaa ctgacattat ttgttaatgg ccagccaaga ccccttgaat 420  
 caagtccagg gaaatatctc cgtcgagaac tgatagaact tcgaaataaa gtgaatcggt 480  
 tattggatag cttggaacca cctgggagac caggaccttc caccaatatt cctgaaaatg 540  
 atactgtgga tggtagggaa gaaaagtctg cttctgattc ttctggaaaa cagtctactc 600  
 aggttatggc agcaagtatg tctgcttttg atcctttaaa aaaccaagat gaaatcaata 660  
 10 aaaatgttat gtcagcgttt ggcttaacag atgatcagg ttcaggggcca cccagtgtc 720  
 ctgcagaaga tcgttcagga acaccgaca gcattgcttc ctccctctca gcagctcacc 780  
 caccaggcgt tcagccacag cagccaccat atacaggagc tcagactcaa gcaggtcaga 840  
 ttgaaggcca gatgtacca cagtaccagc aacaggccgg ctatggtgca cagcagccgc 900  
 aggtcccacc tcagcagcct caacagtatg gtattcagta ttcagcaagc tatagtcagc 960  
 15 agactggacc tcaacaacct cagcagttcc agggatatgg ccagcaacca acttcccagg 1020  
 caccagctcc tgccttttct ggtcagcctc aacaactgcc tgctcagccg ccacagcagt 1080  
 accaggcgag caattatcct gcacaaactt aacttgcca aacttctcag cctactaatt 1140  
 atactgtggc tctgcctctc caacctggaa tggctccaag ccaacctggg gcctatcaac 1200  
 caagaccagg ttttacttca cttcctggaa gtaccatgac ccctcctcca agtgggccta 1260  
 20 atccttatgc gcgtaaccgt cctccctttg gtcagggcta taccacaact ggacctgggt 1320  
 atcgataagg aggtccctct acaccaatta atgtagctgc tagctattgg cctcccaaaa 1380  
 gactccagta ctattttaat ttgtattgaa gaagttcaga aatttaaaaag cagagcattt 1440  
 tttatgatat cattgttggg gtttaattgaa agtataattt gctggaacac aaagacccaa 1500  
 atgaagttt tttcctcctc gcttaaaaat gtagcagctt cttagttaact ttggaacact 1560  
 25 actcttacat gtataaagtg attgacttga cttctagct tcccttgctc ggaggatatt 1620  
 aaaatgcttg ggtgaggttt agccatctta cttggctttt tactattaac atgatgtact 1680  
 aaagtagagc cctttgagaa tacaagatat tatgtataaa atgtaacact gatgataggt 1740  
 taataaagat gattgaatcc aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaca 1790

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 147:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2357 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

35 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

50 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 147

55 ctgcagccga atcggtctga gcgcagacct gcagcgggca aagagctccc gaggaagcac 60  
 agcttgggtc aggttcttgc ctttcttaat gttagagaca gctaccggaa ggaggggaac 120  
 aaggagttct cttccgcagc ccctttcccc acgcccacc ccagtctcca gggaccttg 180  
 cctgcctcct aggtctgaag ccatggctcc gaagtgtagg gcaagggtgc ctcaggacct 240

```

tttgggtcttc agcctccctc agccccaggg atctgggtta ggtggccgct cctccctgct 300
cctcatggga agatgtctca gagccttcca tgacctcccc tccccagccc aatgccaagt 360
ggacttggag ctgcacaaag tcagcaggga ccactaaatc tccaagacct ggtgtgcgga 420
ggcaggagca tgtatgtctg caggtgtctg acacgcaagt gtgtgagtgt gagtgtgaga 480
5 gatggggcgg ggggtgtgtct gtaggtgtct ctgggcctgt gtgtgggtgg ggttatgtga 540
gggtatgaag agctgtcttc ccctgagagt ttctcagaa cccacagtga gaggggagg 600
ctcctggggc agagaagttc cttagggtttt ctttggaatg aaattcctcc ttccccccat 660
ctctgagtag aggaagccca ccaatctgcc ctttgagtg tgcagggtgg aaggtaaag 720
gttgggtgtg agtgggggc gccatagggt ctgcagcctg ctggggctaa gcggtggagg 780
10 aaggctctgt cactccaggc atatgtttcc ccatctctgt ctggggctac agaatagggt 840
ggcagaagtg tcacctgtg ggtgtctccc tcgggggctc ttccccctaga cctccccctc 900
acttacataa agctcccttg aagcaagaaa gaggggtcca gggctgcaaa actggaagca 960
cagcctcggg gatggggagg gaaagacggg gctatatcca gtctctgctc tctgctcatg 1020
ggtggctgtg acaaccctgg cctcacttga ttcatctctg gttttcttgc caccctctgg 1080
15 gagtccccat cccattttca tcctgagccc aaccaggccc tgccattggc ctcttgtccc 1140
ttggcacact tgtaccaca ggtgagggg aggacctgaa ggtattggc tgttcaaca 1200
tcagtcacat tgggtgtttt tgtcaactgc ttgttaattg atttgggat gtttgcccc 1260
aatgagaggt tgaggaaaag actgtgggtg gggaggccct gcctgaccca tcccttttcc 1320
tttctggccc cagcctaggt ggaggcaagt ggaatatctt atattgggcg atttggggg 1380
20 tcggggaggc agagaatctc ttgggagctc tgggtggcgc tgggtgcattc tgtttcctc 1440
tgatctcaaa gcacaatgtg gatttgggga ccaaaggcca gggacacatc cccttagagg 1500
acctgagttt gggagagtgg tgagtggaag ggaggagcag caagaagcag cctgttttca 1560
ctcagcttaa ttctccttcc cagataaggc aagccagtca tggaatcttg ctgcaggccc 1620
tccctctact ctctctgtcc taaaaatagg ggccgttttc ttacacaccc ccagagagag 1680
25 gagggactgt cacactggtg ctgagtgaac gggggctgct gggcgtctgt tctttacca 1740
aaccatccat ccctagaaga gcacagagcc ctgaggggct gggctgggct gggctgagcc 1800
cctggtcttc tctacagttc acagaggtct ttcagctcat ttaatcccag gaaagaggca 1860
tcaaagctag aatgtgaata taacttttgt ggaccaatac taagaataac aagaagccca 1920
gtggtgagga aagtgcgttc tcccagcact gcctcctgtt ttctccctct catgtccctc 1980
30 cagggaataa gactttattg ctttaattct agcctttccc cctcacacat gcacttttgg 2040
gccttttttt atagctggaa aaaacaaaat accaccctac aaacctgtat ttaaaaagaa 2100
acagaaatga ccacgtgaaa ttgacctctg tccaaacatt tcatccgtgt gtatgtgtat 2160
gtgtgtgagt gtgtgaagcc gccagttcat ctttttatat ggggttggtg tctcattttg 2220
gtctgttttg gtccctccc tcgtgggctt gtgctcgcca ccaaagagaa aaacgttttg 2280
35 ggggcttgta atttatectg aaaaatttaa ctttgagcga aaagggggag tgttttaccg 2340
tgggggggta aaataaa 2357

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 148:

### 40 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 907 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

### (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50

### (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

55

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 148

5 gttcattgtc tggcaccaag ctcccttgggg tgaattttct tccaaaagag tccggggagt 60  
 ccaggtcctt ctctctggtt actcataacg cggccccatt tctcactccc attgggcgtc 120  
 gggtttctag agaagccaat cagtgtcgcc gcagttccca ggttctaaag tcccacgcac 180  
 ccccggggac tcatattttt cccagacgag gaggttgggg tcatggcgcc ccgaagcctc 240  
 ctctgctgct tctcaggggc cctggccctg accgatactt gggcggtgga gtgcgggggtc 300  
 cagagagaaa cggcctctgt ggggaggagt gaggggcccg cccggtgggg gcgcaggact 360  
 10 cagggagccg cggccggagg aggtctgggc ggtctcagc cctcctcgc cccagggtc 420  
 ccactccttg aggtatttca gcaccgctgt gtcgcggccc ggccgcgggg agccccgcta 480  
 catcgccgtg gagtacgtag acgacacgca attcctgcgg ttcgacagcg acgcccgcga 540  
 tccgaggatg gagccgcggg agccgtgggt ggagcaagag gggccgcagt attgggagt 600  
 gaccacaggg tacgccaagg ccaacgcaca gactgaccga gtggccctga ggaacctgct 660  
 15 ccgccgctac aaccagagcg aggtggtga gtgaacccg ccgggggcgc aggtcacgag 720  
 cccccccat ccgacacggg accgcccggg tccttcagag ttccgggtgc gaaatgtacc 780  
 ccgagggagg ggaggcgtt gattgctgga gtggatactg ggggggtttt acgcagggtc 840  
 attttcagtt taggcaaaa tccccgcggg ttgggcgggg atgggggggg gttaggtggg 900  
 cggggtt 907

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 149:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1987 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 149

45 aggaggcgtg gggggggggg cgggggagtc aggaagagc accatcgta agcagatgaa 60  
 gatcatccac gaggatggct actccgagga ggaatgccg cagtaccgg cggttgtcta 120  
 cagcaacacc atccagttcca tcatggccat tgtcaagacc atgggcaacc tgcatatcga 180  
 ctttgccgac ccctccagag cggacgacgc caggcagcta tttgactgt cctgcaccgc 240  
 cgaggagcaa ggcgtgctcc ctgatgacct gtccgcgctc atccggaggc tctgggctga 300  
 50 ccatggtgtg caggcctgct ttggccgctc aagggaatac cagctcaacg actcagctgc 360  
 ctactacctg aacgacctgg agcgtattgc acagagtgc tacatcccca cacagcaaga 420  
 tgtgtacagg acccgcgtaa agaccacggg gatcgtggag acacacttca cctcaagga 480  
 cctacacttc aagatgtttg atgtgggtgg tcagcggctc gagcgggaaga agtggatcca 540  
 ctgctttgag ggcgtcacag ccatcatctt ctgcgtagct tgagcgccta tgacttggtg 600  
 55 ctgactgagg acgaggagat gaaccgcag catgagagca tgaagctatt cgatagcatc 660  
 tgcaacaaca agtgggttcac agacacgtcc atcatcctc tcctcaacaa gaaggacctg 720  
 tttgaggaga agatcacaca cagtcccctg accatctgct tccctgagta cacaggggcc 780

```

aacaaatatg atgaggcagc cagctacatc cagagtaagt ttgaggacct gaataagcgc 840
aaagacacca aggagatcta cacgcacttc acgtgcgcca ccgacacca gaacgtgcag 900
ttcgtgtttg acgccgtcac cgaatgtcatc atcaagaaca acctgaagga ctgcgccctc 960
ttctgagggg cagcggggcc tggcgggatg ggccaccgcc gactttgtac cccccaaccc1020
5 ctgaggaaga tgggggcaag aagatcacgc tccccgcctg ttcccccgcc gctttttctcc1080
tcttttctct ctttgttctc agctccccct gtccccctcag ctccagacgt aggggagggg1140
ttgccacagg cctccctgtt tgaagcctgc ccttgtctga gatgctggtg atggccatgg1200
tacccccttc tgggcatctg ttctggtttt taaccattgt cttgttctgt gatgagggga1260
ggggggcaca tgctgagtct cccaaggctg cgtctggagg ggcccctgct tctccagcct1320
10 ggacccccag ctttgcccaa caccagcccc tgccccagcc caagtccaaa tgtttacagg1380
gagcctcctg cccagtcctc caaccccgag cgctcgagg ccccaaagga aaaagcaca1440
gaagcgtgag acgccaccat tcctggaaac cacagtccac ctgctcattc tcgtagcttt1500
ttaaaaaaat gaaagtaaag gaaaaaaaaa aaactgcaaa tctagaaaac tttttagaga1560
aaaactattt aaaactgtca gatcctgacc agcaagcgcc cccccagccc cccttccaag1620
15 tgactccgtg ccttgagtgt gtctgcgtgt ttacaccctg ccctctgctg gccgcccccg1680
tgcgagcggc acccctgccc tgccctccac agaattgggt tccaagggct gttccagaca1740
actgccaacg tcaactgagg cctgcccga gcggccctgg cccagggctc tattaacct1800
aaatgtagct cctagcgtc aaactaggaa ccgcccgtgc ctgctggggg gccacgcccc1860
tcatgccctt gtcccaggcc cggggccttc agcgttgaac acttccttgc ttttttcaca1920
20 tgttttatgg aattgttcac ctggtttgaa ataataaaat gtagaaagga aaaaaaaaaa1980
aaaaaaa
1987

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 151:

## 25 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2906 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## 45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 151

```

gtccagaagc aaaaattaag ttccccaagt tttccatgcc caagatcggc atcccagggtg 60
tgaatatggg ggggtggggga gccgagggtc atgccagct accctctctt gaaggagact 120
tgagaggacc agatgttaag ctgcaagggc ccgatgtttc tctaaagggg ccaggagtag 180
50 acttgccctc agtgaacctc tctatgccaa aagtctctgg gcctgacctt gatctgaact 240
tgaaaggacc aagtttgaag ggagacctgg atgcatctgt tcccagcatg aagggtcatg 300
ctccagggtc caacctcagt ggtgtcgggt gcaaaatgca ggtgggagga gacgggtgtg 360
aagtgccagg gatcgatgcc acaacaaagc ttaacgttgg ggcaccagat gtgacactga 420
ggggaccaag cctgcaggga gatctggctg tctctgtgta catcaaatgc cctaaagtat 480
55 ccgtaggagc tcctgatcta agcttgagg catccgaagg cagcattaaa cttcccaaaa 540
tgaagctgcc ccaatttggc atctctactc cgggggtccg cttgcacgtc aatgccaaag 600
ggccacaggt ttctggcgaa ctgaaggggc cagggtgtga tgtgaacctg aaagggcctc 660

```

```

ggatttcagc accgaatgtg gactttaact tgggaaggacc aaaagtgaaa gggagccttg 720
gggccactgg tgagatcaaa ggcccactg tgggaggagg tcttcaggc attggtgttc 780
aaggcctaga aggaaacctc cagatgcctg gaattaaagtc ctctggatgt gatgtgaacc 840
tgccaaggcgt gaatgtgaaa ctcccaactg ggcagatttc tgggcctgaa atcaaagggtg 900
5 gtctgaaagg ttcagaagta ggtttccatg gggctgctcc tgatatcagt gtgaaggggc 960
ctgcctttaa tatggcatct cctgagtcag attttggcat caacttgaag ggcccaaaa1020
tcaaaggagg tgcggatggt tcagggggtg tcagtgcctc agacatcagc cttggtgaag1080
ggcatttgag tgtaaagggt tccgggggtg agtggaaagg accccaagtc tcctctgtct1140
tcaacttgga cacatctaag tttgctgggg gccttcattt ctgaggacca aaggtggaag1200
10 gaggtgtgaa aggaagtcag attggactcc aggtcctgg gctgagtgtg tctgggcctc1260
aaggtcactt ggaaagtgga tctggaaaag taacattccc taaaatgaag atcccaaat1320
ttacctcttc tggccgtgag ctggttgcca gagaaatggg ggtggatggt cacttcccta1380
aagcagaggc cagcatccaa gctggtgctg gagacggcga gtgggaagag tctgaagtca1440
aactgaaaaa gtccaagatc aaaatgccca agtttaattt ttccaaacct aaagggaag1500
15 gtggtgtcac tggctcacca gaagcatcaa tttctgggtc caaaggtgac ctgaaaagt1560
caaaggccag ctgggctct ctggaaggag aggcagaggc cgaagcctct tcaccgaaag1620
gcaaattctc cttattttaa agtaagaagc caccggaccg ctcaaattca ttcagtgtg1680
aaagagagtt ctctggacct tccaccccga cggggacgct ggagtttgaa ggtggggaag1740
tgtctctgga aggtgggaaa gttaaaggga aacacgggaa gctgaaattc ggtacctttg1800
20 gtggattggg gtcaaagagc aaaggtcatt atgaggtgac tgggagcgat gatgagacag1860
gcaagttaca ggggagtggt gtgtccctgg cctctaagaa gtcccgactg tcctcctct1920
ctagcaatga cagtgggaat aaggttgcca tccagcttcc cgaggtggag ctgtcagttt1980
ccacaaagaa acagtagcag gcctttgtag aacaaaacat cagccttggg tgggtgtgttc2040
ctatataaac tccaaaggga aacacaccca ctgcctcagc aatcatgcaa agaccttgcc2100
25 tggcccgtg gcaagcgctg aaaaaccgac cgctgtagg ctctggaac tatacagata2160
ggtaaagagt tcaaagttcg tccagcccat gtgcaaagtc aacagtattt gccttaagat2220
ttcatatata tatatttttt tgcatgtact gctgagagct cctgtttact aagcaagctt2280
ttgtgtttat tatctcatt tttactgaac attgttagtt ttggggtaat ggaaaccac2340
tatttcattg taatgacttt gggggctttt gttagtaagg gtgggtgggg tgatgggttg2400
30 cagacggagg tcaggtcttc ctctttcctg agactggatc tgttcaaaca gcaaacgccc2460
acagatggcc cagaggtggt ggtagtcagg gtgtgtgggt gtttttaggg ttcttttagt2520
ttgtttcttt caccagggg tgggtgtccc agccagtttg gtgctgacgg tgagaggaaa2580
ttagaatctg tttgcaaatt gtccaaccca cccctcaac atgaggggct tccattttct2640
gtgttttgta agggaactgt ttccttcatt ccgccatgtt cctgatatta gttctgattt2700
35 ctttttaaca aatgttatca tgattaagaa aatttccagc actttaatgg ccaattaact2760
gagaatgtaa gaaaattgat gctgtacaag gcaaataaag ctgtttatta acctgaaaa2820
aaaaaaaaaa aagggaaggga ggggggggag gggggagggg gggggggggg aggggggggg2880
agggagggaa agggggggcg gggagg 2906

```

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 153:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2367 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

45 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

55 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 153

```

5      gcctcccgcc cgccgcctct gtctccctct ctccacaaac tgcccaggag tgagtagctg 60
      ctttcggtcc gccggacaca ccggacagat agcgtgagg acggcccacc accccagccc 120
      gccaaactagt cagcctgcgc ctggcgccct ccctctccag gtccatccgc catgtggccc 180
      ctgtggcgcc tcgtgtctct gctggccctg agccaggccc tgccctttga gcagagaggc 240
10     ttctgggact tcaccctgga cgatgggcca ttcatgatga acgatgagga agcttcgggc 300
      gctgacacct cgggcgtcct ggaccgggac tctgtcacac ccacctacag cgccatgtgt 360
      cctttcgggt gccactgcca cctgcgggtg gttcagtgct ccgacctggg tctgaagtct 420
      gtgccc aaag agatctcccc tgacaccacg ctgctggacc tgcagaacaa cgacatctcc 480
      gagctccgca aggatgactt caagggtctc cagcacctct acgcctcgt cctggtgaac 540
15     aacaagatct ccaagatcca tgagaaggcc ttacagccac tgcggaagct gcagaagctc 600
      tacatctcca agaaccacct ggtggagatc ccgccc aacc taccagctc cctggtggag 660
      ctccgcatcc acgacaaccg catccgcaag gtgccc aagg gagtggtcag tgggctccgg 720
      aacatgaact gcatcgagat gggcgggaac ccactggaga acagtggctt tgaacctgga 780
      gccttcgatg gcctgaagct caactacctg cgcatctcag aggc aaagct gactggcatc 840
20     cccaaagacc tccttgagac cctgaatgaa ctccacctag accacaacaa aatccaggcc 900
      atcgaaactgg aggacctgtc tcgtactctc aaagtgtaca ggctgggctt agggcacaac 960
      cagatcagga tgatcgagaa cgggagcctg agcttcctgc ccacctccg ggagctccac1020
      ttggacaaca acaagttggc caggggtgcc tcagggtctc cagacctcaa gctcctccag1080
      gtggtctatc tgactccaa caacatcacc aaagtgggtg tcaacgactt ctgtcccatg1140
25     ggcttcgggg tgaagcgggc ctactacaac ggcacagcc tcttcaacaa ccccgtagcc1200
      tactgggagg tgacgcgggc cactttccgc tgcgtcactg accgcctggc catccagttt1260
      ggcaactaca aaaagtagag gcagctgcag ccaccgggg gcctcagtg ggtctcttg1320
      ggaacacagc cagacatcct gatggggagg cagagccagg aagctaagcc agggcccagc1380
      tgcggtccaa ccagccccc acctcggggt cctgacccca gctcgatgcc ccatcacgcg1440
30     ctctccctgg ctcccaaggg tgagggtgg cgcaaggccc ggccccatc acatgttccc1500
      ttggcctcag agctgcccct gctctccac cacagccacc cagaggcacc ccatgaagct1560
      tttttctcgt tcaactccaa acccaagtgt ccaaggctcc agtcctagga gaacagtccc1620
      tgggtcagca gccaggaggc ggtccataag aatggggaca gtgggctctg ccagggtgc1680
      cgcacctgtc cagacacaca tgttctgttc ctctcctca tgcatttcca gcctttcaac1740
35     cctcccgcac tctgcggctc ccctcagccc ccttgcaagt tcatggcctg tccctccaag1800
      acccctgtct cactggccct tcgaccagtc ctcccttctg ttctctctt ccccgctcct1860
      cctctctctc tctgtgtgtg tgcgtgtgt gtgtgtgtgt gtgtgtgtgt gtcttgtgct1920
      tcctcagacc tttctcgtt ctgagcttgg tggcctgttc cctccatctc tccgaacctg1980
      gcttcgcctg tccttttcac tccacaacct ctggccttct gccttgagct gggactgctt2040
40     tctgtctgtc cggcctgcac ccagcccctg ccacaaaaac cccaggggaca gcggtctccc2100
      cagcctgcc tgctcaggcc ttgcccccaa acctgtactg tcccggagga ggttgggagg2160
      ttgagggcca gcatccgcg cagatgacac catcaaccgc cagagtccca gacaccggtt2220
      ttcttagaag cccctcacc ccactggccc actgggtggc aggtctcccc ttatccttct2280
      ggtccagcgc aaggaggggc tgcttctgag gtcggtggct gtctttccat taaagaaaca2340
45     ccgtgcaacg tga aaaaaa aaaaaa 2367

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 154:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 50 (A) LÄNGE: 1314 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

- 55 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 154

```

cacacacctg cacatactca tgcattgcaca tgtacacacg cagtcacaca tgcactcacg 60
cagttgcaca cacacgcattg ctcaactccca cactgtgtgc actcaggtgg ctgtgttgga 120
cagttggggc cagggctccc ctgctgtcct gtggggccgg catctgctct ccttctttct 180
15 ccccaggtag ttctactccc gaaggattga catcacctg tcgtcagtca agtgcttcca 240
caagctggcc tctgcctatg gggccaggca gctgcaggc tactgcgcaa gcctctttgc 300
cctctctctc ccccaggacc cctcgttcca gatgcccctg gacctgtatg cctatgcagt 360
ggccacaggg gacgcccctg tggagaagct ctgcctacag ttcttggcct ggaacttcga 420
ggccttgacg caggccgagg cctggcccag tgcctccaca gacctgtctc aactgtgtgt 480
20 gcccaggagc gacctggcgg tgcctcagca gctggcccta ctgaaggccg tggacacctg 540
gagctggggg gagcgtgcct cccatgagga ggtggagggc ttggtggaga agatccgctt 600
ccccatgatg ctccctgagg agctctttga gctgcagttc aacctgtccc tgtactggag 660
ccacgaggcc ctgttccaga agaagactct gcaggccctg gaattccaca ctgtgccctt 720
ccagttgctg gcccgggtaca aaggcctgaa cctcaccgag gatacctaca agccccggat 780
25 ttacacctcg cccacctgga gtgcctttgt gacagacagt tcctggagtg cacggaagtc 840
acaactggtc tatcagtcca gacggggggc tttggtcaaa tattcttctg attacttcca 900
agccccctct gactacagat actaccctta ccagtccttc cagactccac aacaccccag 960
cttctctctc caggacaaga ggggtgtcctg gtccctggtc tacctcccca ccatccagag 1020
ctgctggaac tacggcttct cctgctcctc ggacgagctc cctgtcctgg gcctcaccaa 1080
30 gtctggcggc tcagatcgca ccattgccta cgaaaacaaa gccctgatgc tctgcgaagg 1140
gctcttcgtg gcagacgtca ccgatttcga gggctggaag gctgcgattc ccagtgcctt 1200
ggacaccaac agctcgaaga gaacctctc cttcccctgc cccggcagag cttttcaaac 1260
gggctttccg caacgggtca atccgcgcct ttctaacttg acaaacttct tcag 1314

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 155:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 965 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 155

```

5  cctcccaaaag gaactcccca atactagaac tcatcccaaa ccccttgca c ttcaacaaat 60
   taacgaaccc attccccaac ccacaatacc ccaccctcca acaacctaa acaacgactt120
   catgctcccg tgcccaaaac gcacagacct tcaacctgga cggctccctg atctatgaa180
   gactcccatc gtcttgcaag cggctcttcac cagcgtgcgg cagaaaaatcg agaaggagga240
   tgacagtga ggcgaggaga gtgaggagga ggaagagggc gaggaggaag gctccgaatc300
   cgaatctcgg tccgtcaaag tgaagatcaa gcttgccggg aaggagaagg cacaggaccg360
10  gctgaagggc ggccggcggc ggccgagccg aggggtccga gccaaagccg tcgtgagtga420
   cgatgacagt gaggaggaac aagaggagga ccgctcagga agtggcagcg aagaagactg480
   agccccgaca ttccagtctc gaccccgagc cctcgttcc agagctgaga tggcataggc540
   cttagcagta acgggtagca gcagatgtag ttccagactt ggagtaaaac tgtataaaca600
   aaagaatctt ccatatttat acagcagaga agctgtagga ctgtttgtga ctggccctgt660
15  cctggcatca gtagcatctg taacagcatt aactgtctta aagagagaga gagagaattc720
   cgaattgggg aacacacgat acctgttttt cttttccgtt gctggcagta ctgttgccgc780
   gcagtttgga gtcactgtag ttaagtgtgg atgcatgtgc gtcaccgtcc actcctccta840
   ctgtatttta ttggacaggt cagactcgcc gggggcccg cgagggtatg tcagtgtcac900
   tggatgtcaa acagtaataa attaaaccaa caacaaaacg caaaaaaaaa aaaccaagg960
20  cgaga
                                     965

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 156:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

25 (A) LÄNGE: 3101 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

40

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 156

```

45  ctccgcgccg acacagggag cagcgagcac gcgtttcccg caaccgata ccatcggaca 60
   ggattttctc gcctcagccc aacggggagg gctagttgca catagtgatt tagatgaaag 120
   agctattgaa gctttaaaag aattcaatga agacggtgca ttggcagttc ttcaacagtt 180
   taaagacagt gatctctctc atgttcagaa caaaagtgcc tttttatgtg gagtcatgaa 240
50  gaacttacagg cagagagaaa aacaagggac caaagtagca gattctagta aaggaccaga 300
   tgaggcaaaa attaaggcac tcttggaag aacaggctac acacttgatg tgaccactgg 360
   acagaggaag tatggaggac cacctccaga ttccgtttat tcaggtcagc agccttctgt 420
   tggcactgag atattttgtg gaaagatccc aagagatcta ttgaggatg aacttgttcc 480
   attatttgag aaagctggac ctatatggga tcttcgtcta atgatggatc cactcactgg 540
55  tctcaataga ggttatgcgt ttgtcacttt ttgtacaaaa gaagcagctc aggaggctgt 600
   taaactgtat aataatcatg aaattcgttc tggaaaacat attggtgtct gcatctcagt 660
   tgccaacaat aggctttttg tgggctctat tctaagagt aaaaccaagg aacagattct 720

```

```

tgaagaattt agcaaagtaa cagaggggtct tacagacgtc attttatacc accaaccgga 780
tgacaagaaa aaaaacagag gcttttgctt tcttgaatat gaagatcaca aaacagctgc 840
ccaggtaaaa gtgctgtttg tacgcaacct tgccaatact gtaacagaag agattttaga 900
aaaggcattt agtcagtttg ggaaactgga acgagtgaag aagttaaaag attatgcgtt 960
5 cattcatttt gatgagcgag atgggtgctgt caaggctatg gaagaaatga atggcaaaga1020
cttgaggagg gaaaatattg aaattgtttt tgccaagcca ccagatcaga aaaggaaaga1080
aagaaaagct cagaggcaag cagcaaaaaa tcaaattgtat gacgattact actattatgg1140
tccacctcat atgccccctc caacaagagg tcgagggcgt ggaggtagag gtgggtatgg1200
atatcctcca gattattatg gatatgaaga ttattatgat tattatggtt atgattacca1260
10 taactatcgt ggtggatatg aagatccata ctatggttat gaagattttc aagttggagc1320
tagaggaagg ggtggtagag gagcaagggg tgctgctcca tccagaggtc gtggggctgc1380
tctccccgc ggtagagccg gttattcaca gagaggaggt cctggatcag caagaggcgt1440
tcgaggtgct agaggagggtg cccaacaaca aagaggccgc gggcagggaa aaggggtcga1500
ggccggtcct gacctgttac aatgaagact gacttgctat gtgggattac accagaagct1560
15 tgcagtggag taatggttaag gaaatcaagc aaccttaa atgtcggctg tataggagca1620
tattctattg cagaagacct tcctatgaag atcatggaat caaatcagg acattgaact1680
aatacttggg ctttgatatg aatttcttta acaattttct ctgcagtga agttattaaa1740
ctaaagctac tctattttca aaatgtgttc caacagaaat ccttcataac tctagcatg1800
gtatcttaat aaagaataaa gttcttttaa aaatctgctc taagtagatt tttcccttt1860
20 tttaaattaa ggatccaac agtggtattt tgaaatattc tcttgaattt gtgcatttaa1920
attttattgc agtggtatag atgaatgcca ctgatggtat ccttaaattt ttttctgct1980
caccaagggt aatcatgatt gtctatatct tttttatagt gatcactttt gaattgtgtt2040
cagatatgca gtttcagggt taatcatcag agctgggttag tcaggcatc cagatagtgg2100
ttcttttcag aaccttttta aaagggttg ttaactacct cagtagcaga ggattgaact2160
25 atacctgtc tgtactgtac atagaaaatc tttgtagata aaagcaaggc ttgttaaata2220
tgatatgagg gtaagatttt aatataccaa atgtaacatt cttagtgtcc tttagtttca2280
gaggcttgta agacttcctc atgaccatca taacaggcct tgcttttgct gtattttgtg2340
gctgaaaaag cagccttgct tcttcagata ttgtagtatt ttggatgtat aatagttag2400
caagatgtta cttttgtaag acatcagatg ttcaaaaaag tgcacccgaa cttgtactaa2460
30 atactgcagt gtccctttat aaaaagtcag actaaaactg acaattgtac agcgaagcct2520
gacatttgga tattttgaag ttttttcata aatcatagaa attagtatat ggctgtagt2580
tagcttttta ggtaaaagg atgtttcatt agtgcatttc ttctgtctga tcaactgtaa2640
catgtgaatc agctttccat ttcttatgca ggtcatgata acttgtagag tagagtacaa2700
tcatttgtgc tatgttttta attttctaaa gcacctgat gacagtgaat gtccagtgg2760
35 gaagcatcct ctattgaacc accctcaaaa atttttttgc caagtcctaa gttgatagct2820
taaagtaaaa agtgaataat atagtttcat taggacttgg tgtaaagaa tcccccccc2880
ccttcccaa agggatactg cagttatata acatacccaa taggcaccac gatgaagatc2940
agagcttata cttaattaag gttttatata caccagttcc ccagtaaatg caaatttaac3000
aagaaaatca gacatgtcat atgttcaaaa tgctcatggc aaacaatcat tttgcattcc3060
40 tgcaataaaa attgttttat actgtaaaac aaaaaaaaa a 3101

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 157:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 45 (A) LÄNGE: 983 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 55 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 157

cgggcgaggag cggcggtcca gactggggag ggacgcgcac cggccaggag gcttcaagag 60  
 gagggcacta gggccctgcg agcggcggtct taaccggcgg cgctaggact ccgcgggaaa120  
 10 cggcgggggc ggacgggcgg caccaggacc cagggaacc gcgacgggcg ggcggcgagc180  
 aggcccgga gccgggaggt gcgggcggcg gcgctggacc cgacgcggcg agagaggccc240  
 cgagatgccg agcaagaaga agaagtacaa cgcgcggttc ccgccggcgc ggatcaagaa300  
 gatcatgcag acggacgaag agattgggaa ggtggcggcg gcggtgcctg tcatcatctc360  
 ccggcgctc gagctcttcc tagatcgct gttgaagaag gcctgccagg tgaccagtc420  
 15 gcggaacgga aagaccatga ccacatccca cctgaagcag tgcacgagc tggagcagca480  
 gtttgacttc ttgaaggacc tgggtggcatc tgttcccgac atgcaggggg acggggaaga540  
 caaccacatg gatggggaca agggcgccc cagggccgga agccaggcag cggcgcccg600  
 aagaacgggtg ggatgggaac gaaaagcaag gacaagaagc tgtccgggac agactcgag660  
 caggaggatg aatctgagga cacagatact gatggggaag aggagacatc acaaccccca720  
 20 cccaggcca gccaccctc tgccacttt cagagcccc cgacaccctt cctgcccttc780  
 gcctctactc tgcctttgcc ccagcgccc cggggcccct cagcacctga tgaagaggac840  
 gaagaagatt acgactccta gcgccttctg cccccagac catagcccct tttagtggg900  
 tttagtgtct ctggggggag gagagaaggt agagctgttc ttaaatatat taaaaaaaa960  
 aataaaaggg aaaaaaaaaaaa aaa 983

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 158:

(A) LÄNGE: 293 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

## (iii) HYPOTHETISCH: ja

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 158:

FIDSYRCFQP KQEGAFTCWS AVTGARHLNY GSRLDYTLGD RTLVIDTFQA SFLLEVMGS 60  
 45 DHCPVGA VLS VSSVPAKQCP PLCTRFLPEF AGTQLKILRF LVPLEQSPVL EQSTLQHNNQ120  
 TRVQTCQNK QVRSTRPQPS QVGSSRGQKN LKSYFQPSPS CPQASPDIEL PSLPLMSALM180  
 TPKTPEEKAV AKVVKQAKT SEAKDEKELR TSFWKSVLAG PLRTPLCGGH REPCVMRTVK240  
 KPGPNLGRRF YMCARPRGPP TDPSSRCNSS SGAGPAEPME AWGHLAWSPL HMI 293

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 159:

(A) LÄNGE: 131 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 159:

ETLREKQEAA QGRGAGLRSC AGVTMPDVPR PPLVQLGLLQ RKNCTGRRGQ WEDPGAWHTC 60  
RSGGPSWVLA SSQYASHMAP CGPHRGVCAR APPAQTSRMR SVTPSHLWLL KSWPAPSPLW120  
PLPSLLESSG S 131

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 160:

(A) LÄNGE: 94 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 160:

KRRPKLGPGF FTVRITHGSL WPPQRGVRKG PASTDFQNEV RNSFSSLASE VLACPFITLA60  
TAFSSGVFGV MRALISGRLG SSMSGAWGQ LGE 94

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 161:

(A) LÄNGE: 136 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 161:

LHQLAAQRLY LRPVRVGAWA LSLPGERRAE ISNQWSALVT WIPEGREGST VSSAADCCSK 60  
NVFSTSFESP SHGNPSTPTR DPTPAVSRI S STCTSRDPND SCTNEHYGSC SNCLSTHCYV120  
5 GWKAFGRKKG SSRLKG 136

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 162:

- (A) LÄNGE: 281 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 162:

PGSQKVAKAV PFPQRRTA AV RMSFPPHLNR PPMGIPALPP GIPPPQFPGF PPPVPPGTPM 60  
IPVPM SIMAP APTVLVPTVS MVGKHLGARK DHPGLKAKEN DENC GPTTV FVGNISEKAS120  
DMLIRQLLAK CGLVLSWKRV QGASGKLQAF GFCEYKEPES TLRALRLLD LQIGEKLLV180  
KVDAKTKAQL DEWKAKKKAS NGNARPETVT NDDEEALDEE TKRRDQMIKG AIEVLIREYS240  
30 SELNAPSQES DSHPQEEEEG KEGGHFPQIS SGPTDPLSTH H 281

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 163:

- (A) LÄNGE: 103 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 163:

CSLVQESLGS LEVQVEEILE TAGVGSLVGV LGFPWEGDSN EVEKTFLLQQ SAAETVLPS 60  
50 RPSGIQV TSA LHWFEISARR SPGRLSAQAP TRTGRKYSRC AAS 103

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 164:

- (A) LÄNGE: 127 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 1:

15

NISLLDHPGL QSCLYFLFWI LFTNRERYIS AWKWPDVWKL DIWHFGLHSH GYSHNKDGS 60  
GNSFLDLDQP SRYLGIYYIL FCIFLVLRD SLAIFGLPEY VFCVYSAPVK WFCLVCHNPH120  
GCYMSIS 127

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 165:

(A) LÄNGE: 382 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

25

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 165:

40

HEVLCCRMALP LQKAKVIRLI KISPEKPITL AVGDGANDVS MIQEAHVIG IMGKEGRQAA 60  
RNSDYAIARF KFLSKLLFVH GHFYIIRIAT LVQYFFYKNV CFITPQFLYQ FYCLFSQQTL120  
YDSVYLTLN ICFTSLPILI YSLLEQHVDP HVLQNKPTLY RDISKNRLLS IKTFLYWTIL180  
GFSHAFFIFF GSYLLIGKDT SLLGNGQMFG NWTFGTLVFT VMVITVTIKM ALETHFWTWI240  
NHLVTWGSII FYFVFSLFYG GILWPFLGSQ NMYFVFIQLL SSGSAWFAII LMVVTCLFLD300  
IIKKVFDRHL HPTSTKAQM YSNTVALSDE FIALQPLSRA RNQLSKLSLL KQMQVSSAWT360  
45 PCAVSRKEKQ RVHLLLECWN EL 382

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 166:

(A) LÄNGE: 85 Aminosäuren

50

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 166:

10

QELNKHKIHI LGAQKWPENP SIKQGKYKIK YNRSPGNEMV DPSPKMSFQS HLYCDCNNHD60  
CEDQSAKCPV SKHLAISKQR CIFPY 85

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 167:

15

(A) LÄNGE: 496 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 167:

35

RLEKGPLPFQ MPGMRLPETQ VLPGEIDETP LSKPGHDLAS MEDKTEKWSS QPEGPLKLKA 60  
SSTDMPQSIS VVNVDQLWED SVLTVKFPKL MVPRFSFPAP SSEDVFIPT VREVQCPEAN120  
IDTALCKESP GLWGASILKA GAGVPGEQPV DLNLPLEAPP ISKVRVHIQG AQVESQEVTI180  
HSIVTPEFVD LSVPRTFSTQ IVRESEIPTS EIQTSPSYGFS LLKVKIPEPH TQARVYTTMT240  
QHSRTQEGTE EAPIQATPGV DSISGDLQPD TGEPPFEMISS SVNVLGQOTL TFEVPSGHL300  
ADSCSDEEPA EILEFPDDDS QEATTPLADE GRAPKDKPES KKSGLLWFWL PNIGFSSSV360  
ETGVDSKNDV QRSAPIQTQP EARPEAELPK KQEKAGWFRF PKLGFSSSPT KKSSTEDGA420  
ELEEQLQEE TITFFDARES FSPEEKEEGE LIGPVGTLG SRVMVTSAAAR TELILPEQDR480  
40 KADDESKGSG LGPNEG 496

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 168:

45

(A) LÄNGE: 125 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 168:

SLPASYWDS KSHLKFLLA TSLQTAVQMR SQQKFLSFPL MIAKRQPHHW QMKAGLQKTN 60  
QKVKNLVCSS FGFQTLGFPL LLMRQVLIPK MTSRDLLPFK HSLRHDQRQN CLKNNRRQAG120  
SDFPN 125

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 169:

(A) LÄNGE: 130 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 169:

MGADLWTSFL ESTPVSSTEE ENPMFGSQNQ SRPDFLLSGL SFGALPSSAS GVVASWLSSG 60  
GNSRISAGSS SEQLSASWWP EGTSNVSVCC PSTLTLEEII SNGSPVSGWR SPEMESTPGV120  
ACMGASSVPS 130

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 170:

(A) LÄNGE: 123 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 170:

VVYRGVKCFI DKKKKTALP TYSSSSSSSS SSSSSSSSSS SSSSSSSSSS SSFFFLFSA 60  
LTTFFFAASG FPLARYAAS FSYSFSTSQP SFHKAACHLQ QCYSTSLPVS SQHHQWTGQD120  
VLL 123

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 171:

(A) LÄNGE: 157 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 171:

KKLYLLRSIQ NVNKTAAIFF LQLQSGIQLT EQQLSSYKLH QRQLKMKKIK PKKKTKRKKK 60  
KKQKTKLPSP YITNLCCAPT RTCFKFPCQF TTPILYQARL VAIENTTRTG LSKDTFGSVL120  
TIQKKTLYSL KTNLTQPYIS IFFFKRSELC TGGLNAL 157

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 172:

(A) LÄNGE: 152 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 172:

LNMKGKDPKK PRGKMSSYAF FVQTCREEHK KKHPDASVNF SEFSKKCSER WKTMSAKEKG 60  
KFEDMAKADK ARYEREMKTY IPPKGETKKK FKDPNAPKRP PSAFFLFCSE YRPKIKGEHP120  
GLSIGDVAKK LGEMWNNTAA DDKQPYEKKA AK 152

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 173:

(A) LÄNGE: 281 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 173:

10 SGSAGPGPRG PRATESGKRM DCPALPPGWK KEEVIRKSGL SAGKSDVYYF SPSGKKFRSK 60  
PQLARYLGNT VDLSSFDERT GKMMPSKLQK NKQRLRNDPL NQNGKGPDLN TTLPIRQTAS120  
IFKQPVTKVT NHPSNKVKSD PQRMNEQPRQ LFEWEKRLQGL SASDVTEQII KTMELPKGLQ180  
GVGPGSNDDET LLSAVASALH TSSAPITGQV SAAVEKNPAV WLNTSQPLCK AFIVTDEDIR240  
KQEERVQQVR KKLEALMAD ILSRAADTEE MDIEMDSGDE A 281

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 174:

(A) LÄNGE: 102 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 174:

35 IIDIIYIKNTS KKALVSAIKK LYVLGYIFFL TGKSQWKHFC SISRNELLGK VGRKLPDHIL 60  
RLHLHCPFQY PSLLYQQLAT RCLPSVLLPI SCVLAVLALP VS 102

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 175:

(A) LÄNGE: 147 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

40 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 175:

IYTSKIHLKR HWLVLLKSSM CSGTFFFLQA KASGNIFVQF LGIFSWGKSV ESYLIIFLGF 60

ISTVHFNIHL FCISSSRQDV CHQCFQFLA YLLYSFLFP DVFICDNKSF AEGLRCVKPN120  
SRVLFHSSGD LPCDWRRACV QSTGNSR 147

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 176:

- (A) LÄNGE: 85 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
10 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 176:

ECPLGARGPW EPRHPFPLGR GARSRHPCTH GRLAPPQSPP HSQQPFHSHC PSRSPQPSLR60  
PHPHPLRAQG CNPSLSTTHR WYSWG 85

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 177:

- (A) LÄNGE: 128 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
30 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 177:

NALWGPGAPG SPATLSHLA G VPAAATPARM AGWHPPRALP TASSLSTVTA LPAVPSLPYG 60  
LTRTPSEPR ATPHYPPRTD GTAGAEQPHV EPERVPGARG QDAGGRMTAC PCLTSWGTTL120  
DRGIGQDP 128

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 178:

- (A) LÄNGE: 106 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
50 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 178:

MPFGGQGPLG APPPFPTWPG CPQPPPLHAW QAGTPPEPSP QPAAFPQSLP FPQSPAFPTA 60  
SPAPPQSPGL QPLIIHHAQM VQLGLNNHMW NQRGSQAPED KTQEAE 106

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 179:

(A) LÄNGE: 77 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

20

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 179:

35 GNPGLPWRKF QCQHSCLWP SPTLWPEIPQ SNLEPKRTQR TLDPNCPRPS PEVGVTNSSG60  
LRHMKKLYIN PRQATNP 77

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 180:

40

(A) LÄNGE: 64 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 180:

PPTHTRQVGE EIQSCHGENS SVSILAPCGP LLHSGQRYHS QTWSQKGHKG LSTQTAPDPL60  
ORLG 64

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 181:

- (A) LÄNGE: 206 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 181:

RLSCAGTLSG SGPHPSRRLT QGRWVRKSRV AMEKIPVSAF LLLVALSYTL ARDTTVKPGA 60  
KKDTKDSRPK LPQTLNRGWG DQLIWTQTYE EALYKSKTSN KPLMIHHLD ECPHSQALKK120  
VFAENKEIQK LAEQFVLLNL VYETTDKHLN PDGQYVPRIM FVDPSLTVRA DITGRYSNRL180  
YAYEPADTAL LLDNMKKALK LLKTEL 206

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 182:

- (A) LÄNGE: 206 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 182:

RVFQEEELVR RQRNGASGPR PGLRRLRGGR RAVRRKERLL HRQLPAVHKR GARVKLSSPE 60  
RDVERDVFLY RAYLAQRKFG VVLDEIKPSS APELQAVRMF ADYLAHESRR DSIVAELDRE120  
MSRSVDVTNT TFLMAASIY LHDQNPDAAL RALHQGDSLE CTAMTVQILL KLDRLDLARK180  
ELKRMQDLDE DATLTQLKVL VSLQRV 206

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 183:

- (A) LÄNGE: 111 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 183:

LPRPRESEGO HRGRAGPRDE QERGRDQHHL PAHGRHLHLS RPEPGCRPAC AAPGGQPGVH 60  
SHDSADFAEA GPPGPRPEGA EENAGPGRGC HPHPAQGLGK LATGVKAQGS F 111

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 184:

- (A) LÄNGE: 165 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 184:

GTILPIPEIR RILELLHPLQ AYQDLELGEG GILVQVLHSL QLLPGEVQAV QLQQDLHCHG 60  
CALQAVPLVQ RTQGGIRVLV VEIDGGGHEQ EGGVGHVHAP AHLSVQLGHD AVPPTLVGEV120  
VSKHAHGLEL RGRGGDLIQ DHTELPLRQV RSIQEDVPLH VSLWA 165

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 185:

45

- (A) LÄNGE: 75 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 185:

LLSMRMILKP QSFMILMLR SSNRVTWKL LIGLDYIRYQ MENQKTSLLL MENSCTRLLL60  
LKLLNPLINV GKHCL 75

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 186:

(A) LÄNGE: 340 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 186:

RTVIDAMSAL LRLRLTGAPA AACLRLGTSA GTGSRRAMAL YHTEERGQPC SQNYRLFFKN 60  
VTGHYISPFH DIPLKVNSKE ENGIPMKKAR NDEYENLFNM IVEIPRWTNA KMEIATKEPM120  
NPIKQYVKDG KLRYVANIFP YKGYIWNYGT LPQTWEDPHE KDKSTNCFGD NDPIDVCEIG180  
SKILSCGEVI HVKILGILAL IDEGETDWKL IAINANDPEA SKFHDIDDVK KFKPGYLEAT240  
LNWFLRYKVP DGKPENQFAF NGEFKNKFAF LEVIKSTHQC WKALLMKKN GGAINCTNVQ300  
ISDSPFRCTQ EEARSLVESV SSSPNKESNE EEQVWHFLGK 340

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 187:

(A) LÄNGE: 131 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 187:

LSILYILFNG IHWLLGGNLH FSICPPRYFY NHIKQILIFI ISCFLHRNAI FLFRVHLQRN 60

IMKGGNVVTS YILKEEAVIL RAGLAALLSV VQGHSTARPG PCTGPQPQAR SGWGTRAQQP120  
QQRAGVNDG P 131

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 188:

- (A) LÄNGE: 436 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 188:

GRGMGRVQLF EISLSHGRVV YSPGEPLAGT VRVRLGAPLP FRAIRVTCIG SCGVS NKAND 60  
TAWVVEEGYF NSSLSLADKG SLPAGEHSFP FQFLLPATAP TSFEGPFGKI VHQVRAAIHT120  
PRFSKDHKCS LVFYILSPLN LNSIPDIEQP NVASATKKFS YKL VKTGSVV LTASTDLRGY180  
25 VVGQALQLHA DVENQSGKDT SPVVASLLQK VSYKAKRWIH DVRTIAEVEG AGVKAWRRAQ240  
WHEQILVPAL PQSALPGCSL IHIDYYLQVS LKAPEATVTL PVFIGNIAVN HAPVSPRPGL300  
GLPPGAPPLV VPSAPPQEEA EAEAAAGGPH FLDPVFLSTK SHSQRQPLLA TLSSVPGAPE360  
PCPDGSPAS HPLHPPLCIS TGATVPYFAE GSGGPVPTTS TLILPPEYSS WGYPYEAPPS420  
30 YEQSCGGVEP SLTPES 436

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 189:

- (A) LÄNGE: 127 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 189:

SVLFTGVVSP GPSSLPPPPQ PQGEEGGCRG AGRGWAGPEW ARLGQERRHE ALGAPVPGQR 60  
50 PGLPGEGSTG SALRQAGFH AAAALLIRRW GLIGVAPRTV LWRKNQGAGS GHWPPGALCK120  
VGDSGTC 127

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 190:

- (A) LÄNGE: 213 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 190:

LVLNVGMQLQ CLPHHIAAEI SAGCEDHAAR LHQLVGELLG GRGHVGLLNW WDAVQVQGAQ 60  
DIEHEAALVI LGKPWRVDGG PHLVHDLPER TLKGRGCSGR KQELEGEAVL SSGQAPLVCQ120  
RQGTVEVTLL HYPRCVISLV GDPAGTYAGH PDGSERQRCF QAHAHGPSQR LPGAVDDAAV180  
20 AQADLEELHS PHAAASPASR AATPPPAARE SRL 213

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 191:

- 25 (A) LÄNGE: 635 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

35 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 191:

40 GGVSPWRACV QORMEESEPE RKRARTDEVP AGGSRSEAED EDDDYVPYV PLRQRRQLLL 60  
QKLLQRRRKQ AAEQQQDSG SEPRGDEDDI PLGPQSNVSL LDQHQLKEK AEARKESAKE120  
KQLKEEEKIL ESVAEGRALM SVKEMAKGIT YDDPIKTSWT PPRYVLSMSE ERHERVRKKY180  
HILVEGDGIP PPIKSFEMK FPAAILRGLK KKGIIHPTPI QIQGIPTILS GRDMIGIAFT240  
GSGKTLVFTL PVIMFCLEQE KRLPFSKREG PYGLIICPSR ELARQTHGIL EYYCRLLED300  
45 SSPLRLCALC IGGMSVKEQM ETIRHGVHMM VATPGRMLDL LQKQMVSLDI CRYLALDEAD360  
RMIDMGFEGD IRTIFSFKG QRQTLLFSAT MPKKIQNFAK SALVKPVTIN VGRAGAASLD420  
VIQEVYVKE EAKMVYLLEC LQKTPPPVLI FAEKKADVDA IHEYLLKGV EAVAIHGGKD480  
QEERTKAIEA FREGKKDVLV ATDVASKGLD FPAIQHVINY DMPEEIENYV HRIGRTGRSG540  
NTGIATTFIN KACDESVMMD LKALLLEAKQ KVPPVLQVLH CGDESMLDIG GERGAFCGG600  
50 LGHRITDCPK LEAMQTKQVS NIGRKDYLAH SSMDF 635

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 192

(A) LÄNGE: 147 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 192:

15

```
KPSRRRCRPCC RCCIAGMSPC WLEESAAPV SAGAWVIGSL TAPNSRLCRP SRSATSVART 60
TWPTAPWTSE PTVFPQLQEA SVPKTATSLH IQQPPGQNH FSSAGLEWAR LVLAACSLCS120
SELLFLFPFT PAAIKAQTSS PPKKKKKK 147
```

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 193

(A) LÄNGE: 150 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

25

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 193:

40

```
DILLALPECL DGLSPFLLVF APMDGYGLNP LEQQVLVDGV HVCLLLCKDE YRRGCLLQAL 60
EQVHHLGILL HIFYLLDDIQ AGSPSAPHID GHRLYKGTLS KVLNLLRHGG TEEQGLSLAL120
EVGEDGTDVT LEAHVDHAVS LVQGVATDV 150
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 194

45

(A) LÄNGE: 310 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 194:

10 EAPAAARTQS PAAAAQRGDN VYVVTEVLQT QKEVEVTRTH KREGSGRFSL PGATCLQGEG 60  
QGHLSQKKT V TIPSGSTLAF RVAQLVIDSD LDVLLFPDKK QRTFQPPATG HKRSTSEGAW120  
PQLPSGLSMM RCLHNFLTDG VPAEGAFTED FQGLRAEVET ISKELELLDR ELCQLLEGL180  
EGVLRDQLAL RALEEALEQ QSLGPVEPLD GPAGAVLECL VLSSGMLVPE LAIPVVYLLG240  
ALTMLSETQH KLLAEALESQ TLLGPLELVG SLLEQSAPWQ ERRPCPCPPG SWGTAGAKEH300  
15 RPGSCWTSVA 310

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 195

20 (A) LÄNGE: 244 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 195:

35 TTGIASSGTS IPEDNTRHSR TAPAGPSRGS TGPRLWPCSS ASSKARRASW SRSTPSRPSS 60  
SSWHSSLSKS SSSLEMVST ARRPPWKSSVN APSAGTPSVR KLWRHLIMER PEGSCGQAPS120  
LVERLWPVAG GWKVLCLFSG KRRTSKSESI TSWATRNARV LPEGMVTVFF WLRWPWPSPC180  
KHVAPGRENR PEPSRLWVRV TSTSFVCVST SVTTYTLSPR CAAAAGLCVL AAAGASHGAE240  
SARC 244

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 196

45 (A) LÄNGE: 229 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

## (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 196:

TGHMATGLLA FLGLAAGGQT LCPAGELPGH ARAQASGAPG SVLIAVPGRR RVHTCGPGPA 60  
APSTRGECPP PALGHTRPAP PRPVLLRPSC SPGARGAGTW SALLPRGTLL QEAAHQLERP120  
QQGLRLQRLR QQLVLRFTQH GQCPQQVDNR DSEFRHQHSG GQHQALQDST CWTVQGLHRP180  
KALALLQRLR QGSQGQLVPQ HPLQALQQQL AQLSVQKLQF LGDGLHLCP 229

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 197

- (A) LÄNGE: 95 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 197:

TEILPVFVRL AGVPICSTGN ASAMLQPQKP GLSLQQQAEP CLWSGAVHSS VCLVLGLELD60  
RGGVSSPSLN SEQTLCLAPV CPGNSPGPHW EPLVF 95

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 198

- (A) LÄNGE: 101 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 198:

AVPRGSLRED GKVRCSNLL MAGSPLCPLS LALVIAELCA QCCGLAVARL FLWGARAGCG 60  
NQSSQTDVSQ AEDSFLAEVS PHLQVSGWGG ARGRHTPCL T 101

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 199

(A) LÄNGE: 155 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 199:

VRHTSHLAVL TQGAPGHCSC AAWALLLRTP RAPNEGLGNC LGTLGPGTGS VLNSGKVKRP 60  
 HLYPAQAQEQ GRQSCGQHPT TDTVLPAAGV RGLVSEAAW HWHCLCYRWG LLRVSQIQGE120  
 FQFTQPKGPV CRAALTRAQQ HSTELGKGRG ERVKD 155

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 200

(A) LÄNGE: 138 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 200:

RMKCSQPPRC HFQSDQKCA PCPRAQTHWL EPPGRVQTIS SMRNAQKGFA DSIRLWRLPA 60  
 SGVGWVVSPP IQTQEVAPEG MYLVGSSSGT LGGCRALTQV FLSLSSLGCV CACACACLCF120  
 SLWAHQDAPR RACARVPT 138

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 201

(A) LÄNGE: 132 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 201:

VHGREARLGT LAGTAALKPA LLSGYQTFKG QDVLRRVPVA ARRPAGACPR VTAWRCWGSG 60  
HLPCLCQEG EAFEEASVLA ARSLSQPLPG SCTGQGLIPC HAGPLEQVGW GWYVLSPPW120  
QPCPLGKVIS DL 132

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 202

(A) LÄNGE: 131 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 202:

RLFIGCSLQN KQRWDWGPSL GPCTPLSRAY NHVHRPGRGP ALCPTKSSLH QSSWSPPLRD 60  
PAQLPRSWG I GTRVPWRVQE MRRIPCTLRR TPTPELWSRG HCERRQREH VEDTLTDPVG120  
SGRAEDRHTK P 131

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 203

(A) LÄNGE: 76 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

## (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 203:

5

LAAIKDQLEG VQQALSQAAP IPEEDTDTEE GDDFELLDQS ELDQIESELG LTQDQEAQ60  
QNKKS S GFLS NLLGGH 76

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 204

10

- (A) LÄNGE: 102 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

## (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

## (iii) HYPOTHETISCH: ja

20

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 204:

25

RVCSKHFLRL PPSQKRTQTL KKVM T LNYLT SQSWIKLRVN WDLHKTRKQK HSKIRSLQVS 60  
FQICWEAINL GISLQQSTKN TKKISNKKKK KKRKRKKLNC KL 102

30

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 205

- (A) LÄNGE: 80 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

## (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

## (iii) HYPOTHETISCH: ja

40

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 205:

ICLHHNHCLC DTQLLAFYGL IPPTARLEMA VNGACFFTNK PKSTTAEITW KRFSLSRVLK60  
YTFKFFPKKL ILIVFPKSFN 80

50

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 206

- (A) LÄNGE: 76 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 206:

GKPAALEAHQ GSRLQGRSRE QAAIPPLLSS RTQLCGLGFL FAGLAPCTRL VLELEGPILP60  
RGDSQGCRGI GWRRVL 76

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 207

- (A) LÄNGE: 72 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 207:

NLRVSQLPWK PTRAPDCREE AGSRQPYLHS CPQGLSCVAL DFFLRDLRPA GHWCWSWRVL60  
SCPGVTPRVA GG 72

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 208

- (A) LÄNGE: 73 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 208:

PGMSSLQDRH GRTIWFQVGP YCSHRQRPQE ADGWKRGVTI TGVVMLRVCL DPPRTTLFLR60  
VTPLPSHASQ GCS 73

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 209

(A) LÄNGE: 182 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 209:

QRWLWTSSTS PCWIRAFLEPP AGQVWPCSLG RAPAPLTTLO LTMQLMPKLW CPVCSSPGSH 60  
CHLQRGSLLR PTLHLAPPW LLAWPNLAF AMLELELLLF FRGGNRVESG KGLAPKCCCC120  
GFFAFSKDAL PGPKLQTAVL SKQVRS LGFG AHLLSGSISI LLLATSGQRP PQPHIARCWQ180  
KG 182

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 210

(A) LÄNGE: 130 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 210:

VGPGKQPWWG QVKQCGSQQG TPLKVAVAPR AAAHWPQLW HQLHGELQSG QRGWGPAKRA 60  
RPDLPSGRQE GPDPAARRSG SPQPPLLLIA TGTSGDRLCS WESRSPGFVG LPAGDRHVSH120  
RERPGSRPQL 130

5

**(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 211**

(A) LÄNGE: 111 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

10

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 211:

VTGKGRDPGL SCSSSWKRWS RTVTIHADTE QQYETEQLRA VSSSAEAAWA ATPPFCNHMP 60  
MSPPHLTSRW GWMAEQMKPA LWRGSLTEMH TFMGEVDGHL TSLMFHTVDC T 111

25

**(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 212**

(A) LÄNGE: 243 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

30

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 212:

DVQVAGPEPD CRVHSHVLPQ QAHRLAPGPY SVGESLQPRE GCEDCDRQKA NLRIRFKPSL 60  
FQHVGTSSSL AGKIQKLKDK DFGKQALRKE HVNPPAEVST SLKTYQHFTL EKAYLREDF120  
WAFTPAAGDF IRFRFFQPLR LERFFFRSGN IEHPEDKLFN TSVEVLPFDN PQSDKEALQE180  
GRTATLRYPR SPDGYLQIGS FYKGVAEGEV DPAFGPLEAL RLSIQTDSEV WVILSEIFLK240  
KAD 243

45

**(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 213**

50

(A) LÄNGE: 244 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 213:

15

GRTGVSVMVG IPSVRREVHS YLTDTLHSLI SELSPQEKED SVIVVLIAET DSQYTSVTE 60  
NIKALFPTEI HSGLLEVISP SPHFYPDFSR LRESFGDPKE RVRWRKQNL DYCFLMMYAQ120  
SKGIYYVQLE DDIVAKPNYL STMKNFALQQ PSEDWMILEF SQLGFIGKMF KSLDLSLIVE180  
FILMFYRDKP IDWLLDHILW VKVCNPEKDA KTVTGRKPTC GSASNRPSST TWALTPRWLA240  
20 RSRN 244

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 214

25 (A) LÄNGE: 210 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 214:

40

PAESQPADPL QTVPLPARGH SLLAGWQDPE TEGQRLWKAG AAEGACEPAS RGEHEPEDIP 60  
ALHPGESLPA RGLLLGLHPC RGGLHPLPLL PTSKTGAVLL PQWEHRAPGG QALQHVCGBA120  
ALRQPSVRQG GPAGGPHRHP PVPSEPRRLP PDRLLQSGS RGRGGPSLRP SGSTAPLDPD180  
45 GLPCVGDSE DLPEKGRSLC GLLRVPCGQP 210

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 215

- (A) LÄNGE: 128 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 215:

GGAGLVHGSA DWPC LAPWRV SSCFLPGTEL RGLGAPGAKS RLWCRGGGLS LNRHPEVLLR 60  
CWVHPEWHGE QLWPVLLPRP VLGKLSSGPS LQRPRMGWVW GTHGEWPEEL RVKRAPVCWL120  
QRPGAPLS 128

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 216

(A) LÄNGE: 124 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

20

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 216:

FPQDWPRKEH RPQLLPVPLR VDPASQEHLR VSVKRQASTP APEPALSSRC PQTPQLCARQ 60  
EAARHTPGRQ ARPVRGPMDB PSPASGKTGP FPTGHAPELW QIAGAIWGE FNKSPFENEK120  
KKKK 124

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 217

40

(A) LÄNGE: 142 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 217:

5 VPHTHPILGL CKEGPELSFP RTGLGRSTGH SCSPCHSGWT QHLRSTSGCR LRDRPPPLHQ 60  
 SLLAPGAPR PRSSVPGKKQ LDTRQGAHKG QSADPWTSPA PPQKQGLSL QDTPQSCGRL120  
 QEPSCGENLI KALLMKKKK KK 142

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 218

10 (A) LÄNGE: 379 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 218:

RRGLEGFNGG WTEPGILWM EPTQPPDFAL AYRPSFPEDR EPQIPYPEPT WPPPLSAPRV 60  
 PYHSSVLSVT RPVVVSATHP TLPSAHQPPV IPATHPALSR DHQIPVIAAN YPDLPAYQP120  
 GILSVSHSAQ PPAHQPPMIS TKYPELFPAH QSPMFPDTRV AGTQTTHLP GIPPNHAPLV180  
 30 TTLGAQRPPQ APDALVLRTO ATQLPIIPTA QPSLTTSRS PVSPAQISV PAATQPAALP240  
 TLLPSQSPTN QTSPISPTHF HSKAPQIPRE DGPSPKLALW LPSPAPTAAP TALGEAGLAE300  
 HSQRDDRLL VALLVPTCVF LVLLALGIV YCTRCGPHAP NKRTDCYRW VIHAGSKSPT360  
 EPMPPRGSLT GVQTCRTSV 379

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 219

40 (A) LÄNGE: 157 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 219:

VDTDECQIAG VCQQMCVNYV GGFECYCSEG HELEADGISC SPAGAMGAQG SQDLGDELDD 60  
DGEDEDEDE AWKASTVAGR RCLGSCGWSL RSRLTLPWPI DRASQRTESH RYPTRSPPGH120  
PRSVPPGSPT TPQCSPSPGL WWSLPRIPHC LLPTSLL 157

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 220

- (A) LÄNGE: 211 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 220:

PPPPGPLCLL PIKSLCLLP SPQSPSPSCP LRAPLTRPHP SALHIPKPK PKSQGKMAPV 60  
PSWPCGCPHQ LPQQPQQPWG RLVLPSTARG MTGGCWWHSW CQRVSFWWSC LHWASCTAPA120  
VAPMHPTSAS LTAIAGSSML GARAQQNPCP PGAASQGCRP AEPACDGVQT PLMEYGALDT180  
WPGLHQGPMG AAQLDRWLPA PQAQPGSSLN H 211

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 221

30

- (A) LÄNGE: 117 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 221:

45

LGEPQISGAQ PGRVWGQLCQ STSQAHPPLG MPWDHGQGR L WGSETPLLST PSQNTLRVSG 60  
LWREWGRKN WHPREGDER FALILREASE KCFKVCMRQ AVSGGLSSP LPPSFPK 117

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 222

- (A) LÄNGE: 198 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 222:

NKELSSLKSS DVVMTHTESC ITVASRATHL FGLSDGHSFT TQQQTPHTGT RMSASTWEAV 60  
AEPGRWPQPD HGLSGAGHQG VRVPMLPQGV GMTGRSLVTR QWTSLGEGWR ERAGQAPAAH120  
RLAHANTLKA LLGGFSENQG EALVSFPRKV PILPPAPLSP EPRDPQGVLA GGAKQRCLRP180  
20 PEPSLPMIPR HARQGVGL 198

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 223

- (A) LÄNGE: 98 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

35

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 223:

40

SHGMPGRGWA CEVDWHSCPH TLPGWAPFIW GSPSQHGVLG ACPGPFTRTE APHPLSHFSR60  
WKTQRRKRPW GGVPSCQLA PWVPLCGGSP DSISSASE 98

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 224

- (A) LÄNGE: 298 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 224:

ATRRRAAEAG MAAVLQ RVER LSNRVVRVLG CNPGPMTLQG TNTYLVGTGP RRILIDTGEP 60  
AIPEYISCLK QALTEFN TAI QEIVVTHWHR DHSGGIGDIC KSINNDTTYC IKKLPRNPQR120  
EEIIGNGEQQ YVYLKDG DVI KTEGATLRVL YTPGHTDDHM ALLLEENAI FSGDCILGEG180  
TTVFEDLYDY MNSLKELLKI KADIIYPGHG PVIHNAEAKI QQYISHRNIR EQQILTFLFRE240  
NFEKSFTVME LVKIIYKNT P ENLHEMAKHN LLLHLKKLEK EGKIFSNTDP DKKWKAHL 298

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 225

(A) LÄNGE: 58 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 225:

GFSWGRSPLG RCWCLGG SWD PGYSPHARL DWTAARRAAV QQPFPQP PPA GVSPIWIL 58

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 226

(A) LÄNGE: 73 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 226:

SGSLSLNHIS IFQINILLLS ISYNFFSLRI PWEFFNAIGS VIIDAFTNIS YASRMISVPV60  
SHYNFLDCCV KFS 73

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 227

(A) LÄNGE: 141 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 227:

AFLLRPSVTA STRLLPVCAS PRSSPGPSPA QQQQAWQQAW SSARAPSRRCR ARPSSSERPC 60  
PAVGRLASLY CCCMVFEASPP RPGRTWVHCT GWPRLATGLW PLTCQVWGTP RKQQPLPLL120  
SWPLAASWRL WWPWSWAPR L 141

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 228

(A) LÄNGE: 244 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 228:

VPPPALGHRQ HAPASRLRES TQLPRPFTST AAAGMAASVE QREGTIQVQG QALFFREALP 60  
GSGQARFSVL LLHGIRFESSE TWQNLGTLHR LAQAGYRAVA IDLPGLGHSK EAAAPAPIGE120  
LAPGSFLAAV VDALELGPPV VISPSLSGMY SLPFLTAPGS QLPGFVPVAP ICTDKINAAN180  
YASVKTPALI VYGDQDPMGQ TSFEHLKQLP NHRVLMKGA GHPCYLDKPE EWHTGLLDL240  
QGLQ 244

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 229

- (A) LÄNGE: 144 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 229:

WTDHNRGAQL QGIHHSRQEA ARGQLPNRGR GCCFLGVPQT WQVNGHSPVA SLGQPVQCTQ 60  
VLPGLGGEAN TMQQQYREAS LPTAGQGLSE EEGLALHLDG ALALLHACCH ACCCCAGEGP120  
GELRGLAQTG SRRVLAVTEG RRRN 144

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 230

- (A) LÄNGE: 135 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 230:

LEFFIPCLGS VNEACLFPGV SFHGLYFSSS SGSFAGSSLW KLHERWLGLG FAGVYSRVKA 60  
EWDLRPRLGT TQAEKGRFHH SQCPPHSTTS ARAPPSLLPH PAIVRGATVG RRVPRRGLFL120  
LPVPEKAFPL LKFKH 135

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 231

- (A) LÄNGE: 96 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

WO 99/55858

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 231:

GGPVCWEPQV TPFSSYSVPG ASCPPLQILG KENVYVAGYC MVTSEGRPLG THLPTAAQAR60  
AQAHLLVLRP QIKPSPHHMA SDRFLPSRKF CGCAVL 96

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 232

(A) LÄNGE: 83 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 232:

CCGEGTVNDG NVPSQPGSCL TWVSNPTLPS PWSTLQSRG PANAREVSTE KSLQNSHWKR60  
RNKGHGKKPQ GRDRPRSQTL GRE 83

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 233

(A) LÄNGE: 52 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 233:

ASPASLAQAT SRQPAPSPRA RSHLATSTSW TSSARSDAGC GECRRDPGAP PR

52

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 234

(A) LÄNGE: 94 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

10

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 234:

LGSAAWQQLRR PEASETLRLV GTHRPRQRAL PRQRVASPPP RRGLGLTSPP VRLGQVVPGL60  
MPGVVSAAGT QVRRLEVPV SLRLQHHLQL REGL 94

25

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 235

(A) LÄNGE: 95 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

30

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 :

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 235:

ARPSRSWRWC CSRSDAGTSS RRRTWVPAAL TTPGIRPGTT CPRRTGGEVR PSRRGGGLA60  
TRCLGKARWR GLCVPTSRRV SDASGRRSCC QAEPR 95

45

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 236

(A) LÄNGE: 174 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

50

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 236:

APTNTRSSSK FATSGSPGYP IASSGASPEV RQRRTTFFRF RPPESLCGDM KLLTHNLLSS 60  
HVRGVGSRGF PLRLQATEVR ICPVEFNPNF VARMIPKVEW SAFLEAADNL RLIQVPKGPV120  
EGYEENEEFL RTMHLLLEV EVIEGTLQCP ESGRMFPISR GIPNMLLSEE ETES 174

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 237

(A) LÄNGE: 225 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 237:

YRAQKHCVCW HWVKGWGYTR QNSETGYRST KIHSHNKKNW RLAQSTLSFL FTQQHVGDPA 60  
ADGEHTSRFR ALQALYHFH LQQQVVGHPQ KLLILLISLN RPFRLDQDQ VIGRLQERRP120  
LHFRYHTRHE VGVEFHRADT DLGGLEAQGE ATGPHPPHMR AQQIVGKQFH VAAQTLARPE180  
PEKGRPPLPH FRGCSTRCYW IARRTGSGEL AGTSRVCGSS FLYAN 225

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 238

(A) LÄNGE: 209 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 238:

TFNEKKIYNT ELKNTVFGVI GSRVGDTHGR IRKQGIDQQK YTVITRKTGA WHNQLSVSSS 60  
LSSMLGIPRL MGNIRPDSGH CRVPSITSTS SSRWCMVLRN SSFSSYPSTG PFGTWIRRL120  
SAASRNADHS TLGIIRATKL GLNSTGQIRT SVAWRRRGKP RDPTPRTCEL SRLWVSSFMS180  
PHKLSPGRNR KKVLRCLTS GDAPLDAIG 209

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 239

(A) LÄNGE: 146 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 239:

INAFSHRNAK ININPPDAVA AALRPKSQRP RLTIKVFSE SVGVSVNGCA LGGTVERCAK 60  
SELQTIGQGH GVATRRRLSA GAPPRTHSQQ SSHWHEELKNK HLQGRGKRPR SRRSRARASA120  
ARGAPTGSQR GGSPKRARSG RSRVLA 146

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 240

(A) LÄNGE: 134 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 240:

SRTFSFLSFL HCANILTLFV SFQEPHRHIQ VKRSLNKCLQ PSQCKNKYQS SRRSSSRAAP 60  
KVPTATPNNY KSVQRECWRE CEWVCAGGHG GAVCKIGVAN HRTRAWSGYP PPTQGRASP120  
HTLTAEFALG RVKK 134

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 241

(A) LÄNGE: 147 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

10

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 241:

PARTDRPLL ARFGLPPRCE PVGAPLAALA LARERRERGR FPRPCKCLFF NSSQCELCCE 60  
CVRGGAPALS RRRVATPCPC PMVCNSDFAH RSTVPPSAHP FTLTPTLSLN TFIIVRRGRW120  
DFGRSAAATA SGGILFIFAL RWLKAFI 147

25

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 242

(A) LÄNGE: 88 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

30

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 242:

PVLCRGNSGS LSRKFPPKPQ KPADKDHPRV CVYLENRSPG KSDLSATPGR SGLESGYQNL60  
LRQHQPFGRC PTWPGSRWKV PRRFPGYG 88

45

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 243

(A) LÄNGE: 164 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

50

- (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 243:

QDGCPSDGD F AALQSLLKAS SKDVVRQLCQ ESFSSSALGL KKLLDVTCS LSVTQEEAEE 60  
LLQALHRLTR LVAFRDLSSA EAILALFPEN FHQNLKNLLT KIILEHVSTW RTEAQANQIS120  
LPRLVDLDWR VDIKTSSDSI SRMAVAPPGL VPDGRFQGGG QAMG 164

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 244

- (A) LÄNGE: 87 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 244:

FAWASVLQVD TCSRMI FVSR FLRFWWKFSG KRARIASAE RSRNATSLVR RCRAWSSSSA60  
SSWVTDKLEH VTSKSFFKPR AELEKLS 87

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 245

- (A) LÄNGE: 129 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 245

DGPGGPTAHP HRCAPPGVC PGQAPAHLLL CAAAPGHPGQ GQPPAAGGLV GDADRAGDLE 60  
CSPRRIFLHP RLHPPRHLGS CHLDRGCGCA GWSCCLHLRE TGWYILGP AE DSASAGSFLH120  
SHRCPQTLE 129

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 246

(A) LÄNGE: 268 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 246:

ASPSNSQPTS PASAPALPPP ARSRGAQTV SLTMGTADSD EMAPEAPQHT HIDVHIHQES 60  
ALAKLLLTCC SALRPRATQA RGSSRLLVAS WVMQIVLGIL SAVLGGFFYI RDTLLVTSG120  
AAIWTGAVAV LAGAAFIYE KRGGTYWALL RTLLALAAFS TAIAALKLWN EDFRYGYSYY180  
NSACRISSSS DWNTAPAPTQS PEEVRLHLC TSFMDMLKAL FRTLQAMLLG VWILLLLASL240  
APLWLYCWRM FPTKGKRDQK EMLEVSGI 268

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 247

(A) LÄNGE: 103 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 247:

DCTQDPQHDL HHPRGHQPPA AAPGLGGPGP QRRAGEQEL GQGRLLVDVH IDVGVLWGLR 60  
 GHLITVGC SH CQGHSLRSSG PASGRREGWG AGWRSGLRVG GGG 103

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 248

5

- (A) LÄNGE: 86 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 248:

GSRRRDGGGA GAAPVAPRAL GRRARAGRCS EDEGGGGAQR VWGEQPVLAS GQSPPGQEGS60  
 FTRVWTRASL PTLGQVLQPG GVHVQV 86

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 249

30

- (A) LÄNGE: 154 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

40

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 249:

45

ARGGAMAAGL ARLLLLLLGLS AGGPAPAGAA KMKVVEEPNA FGVNNPFLPQ ASRLQAKRDP 60  
 SPVSGPVHLF RLSGKCFSLV ESTYKYFCF FHNVTQHEQT FRWNAYSGIL GIWHEWEIAN120  
 NTFTGMWMRD GDDCRSRSRQ SKVELACASP SNCV 154

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 250

50

- (A) LÄNGE: 95 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 250:

15 PLDAVARART RQLHLALPAP GTAVVTVPHH HAREGVVGD LPLVDAEDPT VGVPAEGLLV60  
LGHVVERAEL ILVRGLHQAE ALARESEEMH GSRHG 95

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 251

(A) LÄNGE: 240 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 251:

35 KVTGDGHTRP RSGVPRQHEA GSPGLTASHA MSIHLAGSLT AMDSICASER SQGVWRAPTP 60  
GCQGLSPGPR PGELPGGSSP EERLGRlava GPPRGAQNVs QAGPEAEAPP LRFGHAWGAQ120  
TPRLGAPGPW TPLPTLPSHI PPFWSQTPAQ RKEGFTEEGQ GRAWPQGGDE DISGPGSCRL180  
40 LWEEPCVCK LLGLAARPTA GPSLDPCTWP SSCPLAAPGL GTGIEPRGLG WLGQGRDREG240

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 252

(A) LÄNGE: 216 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 252:

10 GLVMPGELRR PGLGPQAHGL PSPLCPPIFP LFGPRHQHKE RRGSRKARA EPGPREGMRT 60  
FPVQVAAGCS GRKSHASVNC WGWRPAPLQG PALTPARGHP AALWLPLALA QASSLEGWAG120  
WARAGTGRGS TSDPDVGWLC PPRREAQOTS YTKAKSTIGE PRSHFMGRRP RPQGPQSKAR180  
GRFIPEDSPP GAAPAWGGVS RPLGCLSVCG TPWSTP 216

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 253

15

(A) LÄNGE: 218 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 253:

35 VLRRLYIYIL YITNMKWFST QPLWLNTKQR SHRRGPGPPP APLSGVLGSR GLPHHPSQGW 60  
GRAGPRAGAN VAWNSNCIVR WVGGQWARGC SQPGPFTTNL AMTCGGPWGS GCLLGSTLSE120  
VSPWAPPSCP QGHPVLPTL WAWGLQDPLC RVRVGAGHGS RHQPDAPVGV ARSWDGVVRN180  
TAPKTQNKNT TNGRRSPPT EVGFEPLLI FVSFLQPW 218

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 254

40 (A) LÄNGE: 79 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 254:

RDGGGAGAAP VAPRALGRRR RAGRCSEDEG GGGAQRVWVS SLAGWRLERG TARARSPLTL60  
PLPVGGTTRS CLRPVASRP 79

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 255

(A) LÄNGE: 79 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 255:

LGLEATGLRQ ERVVPPTGSG KVSGERARAV PRSSRQPARL LTQTRWAPPP PSSSLHLPAR60  
ARRPRARGAT GAAPAPPPS 79

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 256

(A) LÄNGE: 79 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 256:

WPGGDWPEAR TGCSTYGKRQ GQRGTGPGRP PLEPPAREAA HPNALGSSTT FIFAAPAGAG60  
PPAESPRSNR SRASPAAIA 79

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 257

(A) LÄNGE: 51 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 257:

15 GHLGGPTGSV CSRILLASSP FYMNCCINKH RVPETTEVII LPTECWPGQA W

51

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 258

(A) LÄNGE: 49 Aminosäuren

20 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 258:

35 GGGFLGQIDK SKDNISLVTV IQLHSYTVAL FGLSHEEVLV TNYVFVGCF

49

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 259

(A) LÄNGE: 48 Aminosäuren

40 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

50 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 259:

AFTRNTTNKV SDMLANQARL RSLRRPNWLC LLKDSSGLVS ILHELLHK

48

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 260

(A) LÄNGE: 179 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 260:

PGISVSVDKM ESSPFNRRQW TSLSLRVTA ELVLNKNKS SAIVEIFSKY QKAAEETNME 60  
KKRSNTENLS QHFRKGTTLTV LKKKWENPGL GAESHTDSL R NSSTEIRHRA DHPPAEVTS120  
AASGAKADQE EQIHPRSLR SPPEALVQGR YPHIKDGEDL KDHSTESKKM ENCLGESRH 179

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 261

(A) LÄNGE: 56 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 261:

QATLLLEPKL TKNKSTPDL DSGHLLKPSF RVDIPTSTV RILKTTQQKV KKWKIV

56

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 262

(A) LÄNGE: 94 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

- (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 262:

15

DSAPSPGFESH FFFNTVRVPF LKCWERFSVL LLFFSMFVSS AAFWYLENIS TIADDLFLLT60  
RESSLAVTLN DSEVHCRLN GDDSILSTDT EIPG 94

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 263

20

- (A) LÄNGE: 75 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 263:

35

VMSPADKAA RADSARAARG KRKKNVEENM AYSALMEVAG YCLIERMLWN PMLKIKSVWL60  
CSYAVMVIPR QLAKV 75

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 264

40

- (A) LÄNGE: 74 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 264:

AMFSSTFFFL LPRAARAESA RAALSAGSLI TYAFYKRLPK KKLLTRNVDK PLKANKQQTV60  
VFAFSYSWQA EVRA 74

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 265

(A) LÄNGE: 63 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 265:

DSKAFFSLSS NQPLPSKLSR PCFPPHFFFF YLEPLEPNRL EPPCLLDHSS PTHFIKGYPK60  
RNC 63

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 266

(A) LÄNGE: 94 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 266:

RRGSGSRSSM APVLASMLWM STRGTAMTST SLCTSRARSR PMPSSSSPTP TAWRCCCATR60  
TRVSTSTRTG ASLRMWCCSG GRCLLLWPTS APTR 94

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 267

- (A) LÄNGE: 254 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 267:

GDRKPLYHYG RGMNPADKPA WAREVKERTR MNKQQNSPLA KSKPGSTGPE PPSPQASPGP 60  
 PGLPWAPKPY HKFMAFKSFA DLPHRPLLVD LTVEEGQRLK VIYGSSAGFH AVDVDGNSY120  
 DIYIPVHIQS QITPHAIIFL PNTDGMEMLL CYEDEGVYVN TYGRIIKDVV LQWGEMPTSV180  
 AYICSNQIMG WGEKAIEIRS VETGHLDGVF MHKRAQLKF L CERNDKVFF ASVRSGGSSQ240  
 VYFMTLNRNC IMNW 254

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 268

- (A) LÄNGE: 231 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 268:

GKKHLVIPLT QELEPLSSFV HEDPVEVARL HRADLNGFLT PAHYLVGADV GHRSRHLPPL 60  
 QHHILNDAPV RVDVDTLVLV AQQHLHAVGV GEEDDGMGRD LALDVHRD VD VIAVPRVDIH120  
 SMEASTGAID DLEPLPLLYC QVDQQRAGE VVGKLEGHEF VVGFGGPGEA WGPWGGLGAG180  
 GLRPRAAWLA LGQGRVLLL V HPCSLFYLSG PGWVSVGIHA PTIMVQGLPV P 231

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 269

- (A) LÄNGE: 454 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 269:

```
GAGCTSPGLW ARKAAARCLP TYPSTRAQPSN VGRRRRRRPG LGALAAGVPA MAESVERLQQ 60
RVQELERELA QERSLQVPRS GDGGGGRRVRI EKMSSEVVDS NPYSRLMALK RMGIVSDYEK120
15 IRTFAVAIVG VGGVGSVTAE MLTRCGIGKL LLFDYDKVEL ANMNRLFFQP HQAGLSKVQA180
AEHTLRNINP DVLFEVHNYN ITTVENFQHF MDRISNGGLE EGKPVDLVLS CVDNFEARMT240
INTACNELGQ TWMESESVSEN AVSGHIQLII PGESACFACA PPLVVAANID ETKLKREGVC300
AASLPTTMGV VAGILVQNVL KFLNFGTVS FYLGYNAMQD FFPTMSMKPN PQCDNRNCRK360
QEEYKKKVA ALPKQEQIE EEEIHHEDNE WGIELVSEVS EEELKNFSGP VPDLPPEGITV420
20 AYTIPKKQED SVTELTVEDS GESLEDLMK MKNM 454
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 270

(A) LÄNGE: 123 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 270:

```
KLTVPKFNRN FNTFCTKIPA TTPIVVGRLA AQTPSRFRVF SSIFAATTSG GAHAKQADSP 60
GIISCICPET AFSLTPDSIH VCPSSLQAVF IVIRASKLST QLRTRSTGFP SSNPPLLILS120
MKC 123
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 271

(A) LÄNGE: 176 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 271:

10 CSSEYVLLLE LYLILLDEVG RKVYSYWLVP PCHNQRVATY QCHILSAFQQ SHYLLHQHLL 60  
LLRQRYGFSH SRLQFPFVSM PSSGCRDSNP PPLSSSSRCG PGRPLRRRSS GPADSSPGQV120  
PAPAPGFAAA GAPQTPFWLG LRPPTLPARA FAAAFAPRCS AGPARGTWGG TSPLPS 176

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 272

(A) LÄNGE: 117 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 272:

EARQAWTGAK GAGSLTFSSL QSGHLASGSQ SPESTKAPGT PPTPSYPGTP SRQLLWQWVQ 60  
PRPALPASSP CSRHQLYLPR QAMSWLLSPA PSVPLDFSGA SPVWATLCFP HPRLPHR 117

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 273

(A) LÄNGE: 86 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 272:

APALPPPAGN VLASQPSTIC SPRLLRGQPS LGHPLFPSSS APTQVTDPAD SFSLGKVGCC60  
LTSPSSPPPI HTHRHPPTPG RLVSHM 86

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 274

- (A) LÄNGE: 177 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 274:

EARTLPAGGG RAGAYCRERR LAVLAWAGPT AITVAYLGSL GRMEWVGCQG LWCFLVIGTL 60  
MPSAHFAKKK KLMTLLPWLL SMLAWPPRVG GTSPLLAEG EQVLSYDPIH QAGVLSPSGH120  
25 HSSQHQPVG LGQGSEKGWQ EVPRSSQPCR GTNALNTSKL RDPKVSTPGS GLPPHRH 177

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 275

- (A) LÄNGE: 71 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 275:

QFPGPSVPEQ STSVSVTTSC LFPSLHLLQF IYMLLLLVHF CLPYQAVNEG RNLVCFIHHH60  
45 VPSAWHIVGL H 71

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 276

50

(A) LÄNGE: 102 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 276:

15

FFFFFFFF FFFCLINMSI YLAPDGNTKS WQWEWKGSLS QILPYYVDPK AGLGSKAHKP 60  
PKQIFIEHLD YYRPSILLGT MGDVKEVISH MICLQAKNA SG 102

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 277

20

- (A) LÄNGE: 65 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 277:

GVIESRRVLS RGVIRFIFKQ PNPGRGCPIL SALKKIPFPY LPASIMSVEE SNCGSFEGDG60  
PFFPV 65

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 278

- (A) LÄNGE: 65 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 278:

FFFFFFFF FFLFNKYEHL FGTRWQYKIL AVGVVERFSLS NTSILCRPKG RTWQQGSQTT60  
QTNIY 65

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 279

(A) LÄNGE: 489 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 279:

LADSFPGSSP YEGYNYGSFE NVSGSTDGLV DSAGTGDLSG GYQGRSFEPV GTRPRVDSMS 60  
SVEEDDYDTL TDIDSDKNVI RTKQYLYVAD LARKDKRVLR KKYQIYFWNI ATIAVFYALP120  
30 VVQLVITYQT VVNVTGNQDI CYYNFLCAHP LGNLSAFNNI LSNLGYILLG LLFLLIILQR180  
EINHNRALLR NDLCALECGI PKHFGLFYAM GTALMMEGLL SACDHVCPNY TNFQFDTFSM240  
YMIAGLCMLK LYQKRHPDIN ASAYSAYACL AIVIFFSVLG VVFGKGNTAF WIVFSIIHII300  
ATLLLSTQLY YMGRWKLDGSG IFRRILHVLY TDCIRQCSGP LYVDRMVLLV MGNVINWSLA360  
AYGLIMRPND FASYLLAIGI CNLLLYFAFY IIMKLRSGER IKLIPLLCIV CTSVVWGFAL420  
35 FFFFQGLSTW QKTPAESREH NRDCILLDF DDHDIWHFSL SIAMFGSFLV LLTLDDDLDT480  
VQRDKIYVF 489

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 280

40 (A) LÄNGE: 182 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 280:

5 APLCHRPVTL SCCGDESQHR CPALDGSRTA RSSLGLAWDS HGVAWNLAAA LCRGAGLLPW 60  
 DPQMLAKLLL SSQCWGLPWA PVLWLSICPF ARGRMEGTPS PFHALHFARP PPHNAPAWDL120  
 RPLFPPILPL QGLVWGLNLC PVSQPQFSLG CPWLPSLPIP VSQDGWGYEI LGVGQLVPDF180  
 WC 182

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 281

10

- (A) LÄNGE: 536 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 281:

30 ARPGCPAAIQ CWAAVLGLIP TARQSDRSMT QRSSGPLEVK RRAQLLEDI DLVPLHSIQV 60  
 VIQCQHQEG PEHGDGGEV PDVVVKEVE EDAVPVVLPR LCRGFLPGAE SLEEEERE120  
 PDHGGANDAE QGDELDPLPT PELHDDVEGE VKEQVADANG QQVGSEIIGA HDKPIGSQRP180  
 VDDVAHDQQH HAVHVERPAA LPDAVCVEHV EDAAEDPRVQ FPPAHVIELR AEEQGGDDVN240  
 DGEDDPERRV PFAKDHAQHR EEDDNGQAGV GTVGAGVDVR VPLLVELQHA ESGDHVHERC300  
 VKLEIGIVGA HMIASTEQPL HHQGAHVE KPKVFGDPTF QGTEVIAQQG PVVVDLPLQD360  
 DEQEQPQQD VPQVAEDVVE GAEIAQWVGA EEVVVADVLI PCDIHHRLVG DHQLHHRKGI420  
 EDSNGGNVPE VDLVLFQNT LVLPCQVSHI EVLLGANDIL VGIDVGQCVV VILLHRAHGV480  
 35 HSGPSTYRFK GAALVTVREV PSASAVNQTI GRSRNLKGA IVVTLIRGTA RKRISQ 536

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 282

40

- (A) LÄNGE: 551 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 282:

5 PLSSPSCCRY RRCRRRLRPP LRSVVQPGPR TMSLSRSEEM HRLTENYKKT IMEQFNPSLR 60  
 NFIAMGKNYE KALAGVTYAA KGYFDALVKM GELASESQGS KELGDVLFQM AEVHRQIQNQ120  
 LEEMLKSFHN ELLTQLEQKV ELDSRYLSAA LKKYQTEQRS KGDALDKCQA ELKKLRKKSQ180  
 GSKNPQKYS D KELQYIDAI S NKQGELENYV SDGYKTALTE ERRRFCFLVE KQCAVAKNSA240  
 AYHSKGKELL AQKLPLWQQA CADPSKIPER AVQLMQQVAS NGATLPSALS ASKSNLVISD300  
 PIPGAKPLPV PPELAPFVGR MSAQESTPIM NGVTGPDGED YSPWADRKA QPKSLSPQ360  
 10 QSKLSDSYSN TLPVRKSVTP KNSYATTENK TLPRSSSMAA GLERNRMRV KAIFSHAAGD420  
 NSTLLSFKEG DLITLLVPEA RDGWHYGESE KTKMRGWFPF SYTRVLDS DG SDR LHMSLQQ480  
 GKSSSTGNLL DKDDLAIPPP DYGAASRAFP AQTASGFKQR PYSVAVPAFS QGLDDYGARS540  
 MSSADVEVAR F 551

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 283

- 15 (A) LÄNGE: 185 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF  
 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- 25 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 283:

35 AGEAAGQPGS PPSHQAKCP PLTQGYPR LH GHVTRGVYPQ EAAPQPWAAQ PLGLALQGPA 60  
 PHSARPCLEQ LGSSPGQTQV GQDQAAGAWM FSTQERTDDD RTGYMGRAGE ATRWAALQMW120  
 PSAEEGGRPV VGHCRLLQDV GKGILTLVRR LRIWPLPHRR CSWTALHSHP GPGRRRRAPH180  
 CRASA 185

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 284

- 40 (A) LÄNGE: 518 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF  
 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- 50 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 284:

SGGSESGHFH IGAAGHPRSI VIQALGEGGH GHTVGPLEA AGRLGGEPPG GGAVIGGWDG 60  
 QVVVLQEVAR AAALPLLQAH VQPVTAIAVQ DPGVGEKPA PHLGLLTLSV VPAIAGLRHQ120  
 5 QGNEVTLLLEA QEGAVVPSSV GEDGLHPHTA IALQAGCHGA RARQSLVLGG GIAVFWGHAL180  
 AHGECVGVGV AELALRLRRR QGFGLGSLAV SPRAVVLAIR ACDAVHDGCA LLGRHPPHER240  
 CQLGGHRQGL GPRNGVGNQD VGLGGRQGAG EGGAVAGHLL HELHRALRDL AGVGTGLLPQ300  
 RQLLRQQLLA LGVVGRGVLG HGALLLHQEA EAPALLCQCG LVAVGHVILQ LALLVADGVD360  
 VLQLLVRLVLL RILAALALLP KLLQLSLTLV QGVAFAPLLS LVFLQRSTQI PGVQLHLLLQ420  
 10 LRKQLVVKRL QHFFQLIDL PVDFSHLEEN VSEFFGALAL AGQLPHLHQG VKVAFGCIRH480  
 TCQCLLVILP HGDEVPEARV ELLHDGLIDI FREPVHLL 518

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 285

15 (A) LÄNGE: 217 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 285:

30 VREAARREQR YQEQQGEASP QRTWEQQQEV VSRNRNEQES AVHPREIFKQ KERAMSTTSI 60  
 SSPQPGKLRs PFLQKQLTQP ETHFGREPAA AISRPRADLP AEPPAPSTPP CLVQAEAEAV120  
 YEPPPEQETF YEQPPLVQQQ GAGSEHIDHH IQGQGLSGQG LCARALYDYQ AADDTEISFD180  
 35 PENLITGIEV IDEGWWRGYG PDGHFGMFPA NYVELIE 217

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 286

40 (A) LÄNGE: 162 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 286:

AGASGRLWLP SAFICLFSFS LASKGWWPPL FRMTLGNSE RELFLAEFVT KVRVDHGGLA 60  
 AGNLSWCSLL CAPHISLSSL CLGYGKWGCR WPSSHPGYSK TADTTCSSSTR LTRCLQAPVC120  
 ASTDSDFRKS NTEWPWPVVF PYFLSQLIRV SEEQICFWTK KK 162

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 287

(A) LÄNGE: 173 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

10

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 287:

LLACRGWPGR RWWEELNSGK VMYAFCRVKD PNSGLPKFVL INWTGEGVND VRKGACASHV 60  
 STMASFLKGA HVTINARAE DVEPECIMEK VAKASGANYS FHKESGRFQD VGPOAPVGSV120  
 25 YQKTNAVSEI KRVGKDSFWA KAEKEENRR LEEKRRAEEA QRQWSRSAGS VSA 173

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 288

(A) LÄNGE: 597 Aminosäuren

30

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

40

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 288:

45

EKCGQYIQKG YSKLKIYNCE LENVAEFEG L TDFSDTFKLY RGKSDENEDP SVVGEFKGSF 60  
 RIYPLPDDPS VPAPPRQFRE LPDSVPQECT VRIYIVRGLE LQPQDNNGLC DPYIKITLGK120  
 KVIEDRDHYI PNTLNPVFG R MYELSCYLPQ EKDLKISVYD YDTFTRDEKV GETIIDLENR180  
 FLSRFGSHCG IPEEYCVSGV NTRWDQLRPT QLLQNVARFK GFPQPILSED GSRIRYGGRD240  
 YSLDEFEANK ILHQHLGAPE ERLALHILRT QGLVPEHVET RTLHSTFQPN ISQGLQMWV300  
 50 DVFPKSLGPP GPPFNITPRK AKKYILRVII WNTKDVILDE KSITGEEMSD IYVKGWIPGN360  
 EENKQKTDVH YRSLDGE GNF NWRVFVFPDY LPAEQLCIVA KKEHFWSIDQ TEFRIPPRLI420  
 IQIWDNDKFS LDDYLGFELE DLRHITIIPAK SPEKCRLD MI PDLKAMNPLK AKTASLFEQK480  
 SMKGWWPCYA EKDGARVMAG KVEMTLEILN EKEADERPAG KGRDEPNMNP KLDLPNRPET540

SFLWFTNPCK TMKFIVWRRF KWVIIGLLFL LILLLFVAVL LYSLPNYLSM KIVKPNV 597

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 289

- 5 (A) LÄNGE: 120 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 289:

20

DQHSCFKMSP DSKASHNPSF PKMGVESDME DETTAWMNLK PTKSCTSTSG PLKSGLLFTS 60  
 SGLRGWSLST WKQGLCTAPS SPTFPRENER CGWMFSPRVW GHQALLSTSH PGKPRNTTCV120

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 290

25

- (A) LÄNGE: 289 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 290:

40

ETQVVIQRKL VIVPYLNDQP GWDSKFRLVN TPEMLFFRND TELFGWKVVK RENKSPVKIP 60  
 FTIQRSVMDI CFLFVFFIAR NPAFDVDVTH FLSCDAFLVQ DNVLGVPDDH TQVVFLGFPG120  
 CDVERRAWWP QTLGENIHPH LKFSLGNVGL EGAVQSPCFH VLRDQPLSPE DVKSKPLFRG180  
 45 PEVLVQDFVG FKFIQAVVSS SISDSTPIFG KDGLWEAFES GDILKQLCWS QLISPGIDSR240  
 NTVLLWYAAV GPKAGKESVF QINNCFSYFF IPGKGVIID RNFQVFFLR 289

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 291

- 50 (A) LÄNGE: 201 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 291:

GTGDGSKEIN IVWGIQVPIF HNGPWVSTNH PVARFPRTS LASEGIIVPS TSTIRGMGVW 60  
RASCGDCRAD STSSIAQDRG PGLTIGHQAL GSLVWVGESW GQTWGEYLG PRWLGWLDLR120  
QSWALSISEE VVKKRDFLFH FLNFLCMLVE DMFAHKLRTL EFLATERTQP LILAQFLRVG180  
GDELLHFLW VFAPHLGLF L 201

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 292

(A) LÄNGE: 171 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 292:

SVIFFKIGFC EGRLVGRGGV PGSEAQSCVL SSSVWISLAA SLMSLRITCL CWVMPLMLRT 60  
RRVRSLETPG LSSHRRRMF CRFQQISLML TLRSKVTQPR RKNLLSGWGS ESATRIKPGY120  
LLQREMISAR EMLGAMLRMK REQVLCSEGR LHSSPAASLG FSHSSSLGFS F 171

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 293

(A) LÄNGE: 485 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 293:

```
EKEKPKEEEW EKPKDAAGLE CKPRPLHKTC SLFMRNIAPN ISRAEIISLC KRYPGFMRVA 60
LSEPPQERRF FRRGWVTFDR SVNKEICWN LQNI RLRECE LSPGVNRDLT RRVNRINGIT120
10 QHKQIVRNDI KLAAKLIHTL DDRTQLWASE PGTPPLPTSL PSQNPILKNI TDYLIEEVSA180
EEEELLGSSG GAPPEEPPKE GNPAEINVER DEKLIKVLDK LLLYLRIVHS LDYYNTCEYP240
NEDEMPNRCG IIHVRGPMPP NRISHGEVLE WQKTFEKLT PLLSVRESLS EEEAQKMGRK300
DPEQEVEKFV TSNTQELGKD KWLCP LSGKK FKGPEFVRKH IFNKHAEKIE EVKKEVAFFN360
NFLTDAKRPA LPEIKPAQPP GPAQILPPGL TPGLPYPHQT PQGLMPYGQP RPPILGYGAG420
15 AVRPAVPTGG PPYPHAPYGA GRGNYDAFRG QGGYPGKPRN RMVRGDPRAI VEYRDL DAPD480
DVDF F 485
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 294

(A) LÄNGE: 368 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 294:

```
ESSGFQAIGR AEDDARSCWV KTSESTRPYQ LLRRRRPTLI TYRIFRHHRRH KDTSSGDHLT 60
CRLDPQAKDL KDGTOEEATK RQEAPVDPRP EGDQRTVIS WRGAVIEPEQ GTELPSRRAE120
VPTKPLPPA RTQGT PVHLN YRQKGVIDVF LHAWKGYRKF AWGHDELKPV SRSFSEWFGL180
GLTLIDALDT MWILGLRKEF EEARKWVSKK LHFEDVDVN LFESTIRILG GLLSAYHLSG240
40 DSLFLRKAED FGNRLMPAFR TPSKIPYSDV NIGTGVAHPP RWTSDSTVAE VTSIQLEFRE300
LSRLTGDKKF QEAVEKVTH IHGLSGKKDG LVPMFINTHS GPVSPTWGVF HGGAPGADSL360
LLSYL FER 368
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 295

(A) LÄNGE: 94 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 295:

10 ALRSPPRMRI VLSNRLTSTS FSKCNFFDTH FLASSNSFLR PKIHMVSSAS ISVRPRPNHS60  
LKDLDTGFSS SWPHANLRYP FHACRKTSIT PFWR 94

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 296

15 (A) LÄNGE: 94 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 296:

30 LLRHPLPGFL KFFPQTQDPH GVQRVDQCET EAKPLTEGPG HRLQLVMAPC KLAVSFPCM60  
EDVNHALLAI VQMHWCALCP GRWQGR LGGH FCSS 94

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 297

35 (A) LÄNGE: 146 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 297:

SGPLLAGPAT LTGRMSEVRL PPLRALDDFV LGSARLAAPD PCDPQRWCHR VINNLLYYQT 60

NYLLCFGIGL ALAGYVRPLH TLLSALVVAV ALGVLVWAAE TRALCAAAA ATLQPAWPQC120  
LPSASWCSCS RAALAPSCSA SPGRCF 146

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 298

- (A) LÄNGE: 152 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 298:

TQRHSHPPFS MLIPKLGPGA RHSQILNPGP KLFQTPPYLP TQVKTLPNLE LRTQVFHAPV 60  
WMESGILTVG PLVQVIPTLT SPICLPPALL RHFAPHNPV HHRQPRGEVG TGLSREWGVY120  
VSVAATIKPV ASLMPKKKKK STGRKYSSSS RP 152

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 299

- (A) LÄNGE: 172 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 299:

RTTTTTIFAA GRLFFFFWHE RCNRLYCCSN TNIYAPFPAE ACPHLTPWLS MVWNIGVRGK 60  
MPKQSWREAN GTGEGRDHLD QGSNSQDTRL HPHRGMEHLG SEFKIWQCLD LGWKVWGGL120  
KLWSRVQDLR VPCSRPQFGD EHGEWGMGVS LGSQFEIGHG CSGKLPQFWG WM 172

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 300

- (A) LÄNGE: 178 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 300:

WFWRESYWQT IKVDLQVEHP YQFLKYAKQ LKGDKNKIQK LVQMAWTFVN DSLCTTSLIQ 60  
WEPEIIAVAV MYLAGRLCKF EIQEWTSKPM YRRWWEQFVQ DVPVDVLEDI CHQILDLYSQ120  
GKQQMPHHTP HQLQQPPSPE PPTPLPGPCG CWASHLKEGK VVQPEPVEQC PVWPPKPK 178

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 301

(A) LÄNGE: 113 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 301:

CISQDVCANL KYKNGPPNPC IGDGGSSLFK MSRSTFWKTS ATKSWIFTHK ENNRCLITPP 60  
ISCNSPHLLS LPPRCLGPVV AGPPTSRRGR LYSPNPWSNA LSGLQNQNKT GSL 113

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 302

(A) LÄNGE: 90 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 302:

GGRPSNHRAQ AAGWEAQEMG AVAADGGCDE ASVVFVLSKD PGFGGRCLPK RRPQHLEQTA60  
PTISYTWVWR SILVFQICTN VLRDTSLLLL 90

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 303

(A) LÄNGE: 158 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 303:

TQVMVQSMFA PTDTSDMEAV WKEAKPEDLM DSKLRCVFEL PAENDKPHDV EINKIISTTA 60  
SKTETPIVSK SLSSSLDDTE VKKVMEECKR LQGEVQRLRE ENKQFKEEDG LMRKTVQSN120  
SPISALAPTG KEEGLSTRLL ALVVLFVIVG VIIGKIAL 158

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 304

(A) LÄNGE: 112 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 304:

VNKALPFISK ALGQSVNTRL SLMTSTSDAA TVQFLWASDS VHQSQGADGL DRTEDTESSL 60  
GREWATWGLL CGADRTPQHA GLQLPKGQHQ QARKGVILRE VIQHHVPRPT NV 112

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 305

(A) LÄNGE: 105 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 305:

FKGKTCCEMSS YINFFLHMVM INLNPMIWWI HQSNLPSCAC YLYKAIFPII TPTIKNKTTR 60  
AKSRVLRPSS FPGVANAEMG LLLCTVFLIR SPSSSLNCLF SSRSL 105

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 306

(A) LÄNGE: 126 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 306:

RPPQRTLRRHS AQLGAAPAAL PQPLWELPRA HGSQRQPGPG EAADHAEQER EEAERPGSS 60  
PEEGQEGSGA FGGHTGHRAC ARCLGRGALG GRIPCGLLCQ LFRRDGC PAD SEVQHIIHQH120  
WQQLLP 126

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 307

(A) LÄNGE: 240 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 307:

NVGRCEAQA RAGAASLNAS LDGLHNALFA TQSLRQHQH LFHSLFGNFQ GLMEANVSLD 60  
LGKLQTMLSR KGKKQOKDLE APRKRDKKEA EPLVDIRVTG PVPALGAAL WEAGSPVAFY120  
ASFSEGTAAL QTVKFNTTYI NIGSSYFPEH GYFRAPERGV YLFAVSVEFG PGPGTGQLVF180  
15 GGHRTVPVCT TGQSGSTAT VFAMAELOKG ERVWFELTQG SITKRSLSGT AFGGFLMFKT240

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 308

20

(A) LÄNGE: 123 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 308:

35

KAGIEGHRGS CLPERRAQTG WHRCPDPYVH QRLRFLVPL PGSFQVFLLL LPFPAQHGLQ 60  
LPQVQADVGF HEPLEVPKEA VEEPLVLLQA ALSGEECVVE AVKGGVEGGG PGPGGLAAP120  
PDI 123

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 309

(A) LÄNGE: 84 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

45

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 309:

5

PTTTLVIPLF FLSSRK RKQK DSFQTALCSL HCSFPKQAAS TGKAHVVTYP FSEVLLFHGV60  
TLLSESKFRK QVLPLADKNH TSFL 84

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 310

(A) LÄNGE: 128 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 310:

30

CDRVPLFLSY WCAVADSWLT ASSVSHVKGI LSPQPTCAP PGPANCFNF FFFFFFFLVET 60  
GSPSVAQDGL ELLGSSNPPT LASQSAEITG MSHYAQPEQD DLNLINSTPK QQLSLSQGCQ120  
GGLCGKGD 128

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 311

(A) LÄNGE: 96 Aminosäuren

35

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

45

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 311:

50

WVAGRRHLLS VQTKSLQVLG LDLCVTPESQ CIRYLYKKLV WFLSAKGKTC FLNLLSDNKV60  
TPWKRTSEK YGVTTWAFPV LAACFGKLQC RLQRAV 96

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 312

- (A) LÄNGE: 57 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 312:

ISTSIAALWL PGGQDAGGGA LWPLCGSRGL CVSDRFPGNF RARLTSWKFK YSIALEF 57

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 313

- (A) LÄNGE: 52 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 313:

SAHQLQHCGY QGVRMRAVEP SGLCVVAEDS VSATVFRETS GRDSHLGNSN TQ 52

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 314

- (A) LÄNGE: 43 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 314:

NSRAIEYLN F QDVSLARKFP GKRLTQSPR LPHKGQRAPP PAS

43

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 315

(A) LÄNGE: 247 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 315:

GSSGSRFEVV VVLEERRGGR GRGMGRGDGF DSRGKREFDR HSGSDRSGLK HEDKRGGSGS 60  
HNWGTVKDEL TESP KYIQKQ ISYNYSDLDQ SNVTEETPEG EEHHPVADTE NKENEVEEVK120  
EEGPKEMTLD EWKAIQNKDR AKVEFNIRKP NEGADGQWKK GFVLHKSSE EAHAE DSVMD180  
HHFRKPANDI TSQLEINFGD LGRPGRGGRG GRGGRGRGGR PNRGSRTDKS SASAPDVDDP240  
EAFPALA 247

30

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 316

(A) LÄNGE: 75 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 316:

FMKNKSLPL PISTFIWFSK IKFYFCPLI LNSLPLIQSH LFWTLLFYLF NFILLIFSVC60  
HWMFFTFRC FLSHI 75

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 317

- 5 (A) LÄNGE: 78 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 317:

20 SFGILKHAHA LNRRVHKGT R VVLWHPVKPE LGMPLGHPHQ EQKHLTCRSC CHGLGAHHAH60  
VHLVLPCHRV LGGQGLQN 78

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 318

- 25 (A) LÄNGE: 235 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 318:

40 LHLGAQRALA PGLFRLQGM L RALLGRQLFR ARGPPVVREP LPRTTRLAVR HWPPCDRPL 60  
RVGPGSPLPP GPLHMLLPA PAHQGVLPGA RQALLPALL PEALRLTARS ARPLPRRPRP120  
PGKAGSSRRP GLALRAGGPT HWRAPPLRYE ESSGVKFRNG PARPKPTRPQ SGLHTDKNSR180  
45 AGLHSIPTLE GAPLLGEGPC NSESEARPG RPCSLHPCS VHFFYLHKHT HSTSK 235

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 319

- 50 (A) LÄNGE: 478 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 319:

```

GSRPPPCSPR ATGPRPAMED LDALLSDLET TTSHMPRSGA PKERPAEPLT PFP SYGHQPQ 60
TGSGESSGAS GDKDHLSTV CKPRSPKPAA PAAPPFSSSS GVLGTGLCEL DRLLQELNAT120
15 QFNITDEIMS QFPSSKVASG EQKEDQSEDK KRPSLPSSPS PGLPKASATS ATLELDRLMA180
SLSDFRVQNH LPASGPTQPP VVSSTNEGSP SPPEPTGKGS LDTMLGLLQS DLSRRGVPTQ240
AKGLCGSCNK PIAGQVVTAL GRAWHPEHFV CGGCSTALGG SSFFEKDGAP FCPECYFERF300
SPRCGFCNQPI IRHKMVTALG THWHPEHFCC VSCGEPFGDE GFHEREGRPY CRRDFLQLFA360
PRCQGCQGP I LDNYISALSA LWHPD CFVCR ECFAPFSGGS FFEHEGRPLC ENHFHARRGS420
20 LCATCGLPVT GRCVSALGRR FHPDHFTCTF CLRPLTKGSF QERAGKPYCQ PCFLKLFG 478

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 320

(A) LÄNGE: 285 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 320:

```

EQGLGVWRTR LFREGAASGG EGEPSGLSAE ELQEAGLAVG LAGALLEGPL GERAQAE GAC 60
40 EVVRVEAATQ GRHAAAGHRE ATRGAQRAAS CVEVVLAQRA ALVLEKAASR EGREAFPAD E120
TVRVPERAER RDVVIQDGAL AALARGEQL QEVPAAVGAA LALVETLISE GLPATDAAEM180
LWVPVSAQGG HHLVSDGLVA EATSWREALK VALGAEGGSI LLEEAAASQG GGTASANEVL240
GVPGAAQSRH HLP SNRFIAG ATEAFGLG GN TPAAEVGLQQ PQHGV 285

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 321

(A) LÄNGE: 99 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 321:

10 GLHLQPLLWR QSTEEEVREE GQALTEPKSC GAQGGAQHRG LTPCPTGNGL GLAQPKIPAL60  
SNSWRVDSVL ACLVSSDIFH TVEQNHQPC TDTLCRKRP 99

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 322

(A) LÄNGE: 99 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 322:

30 ETQSSQRLTC PRSLGLDLSL RLRLQNPHSI CYISQGWGQG SCEQKEKYQL LKGLGFVGRA60  
RQGQRGIQNK GASTSAWDGP IHSGRGCGVS PVLNRHLAS 99

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 323

(A) LÄNGE: 83 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 323:

50 SNPKAPVSMW VKGPTMGTYT QEDESSLASE SDCLPQTPPQ NRLLSHLPLH SDKTQAHIPG60  
PGVFACICID GNAGPAKAFF YIK 83

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 324

- (A) LÄNGE: 111 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 324:

VFPTVLRGVL VPSSVTSKPG LIVPIGDEGG MRRSHLQLLS VERTSGTEKN RGPHGSLEGR 60  
 GTRVGELIAE RRDVQRPSAP LSWDVNRIFP STPSLPPVLP LFFFPSIKRC I 111

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 325

- (A) LÄNGE: 272 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 325:

SSRASGITRA ARPCPAKNEG PSKAFVNCDE NSRLVSLTLN LVTRADEGWY WCGVKQGHFY 60  
 GETAAVYVAV EERKAAGSRD VSLAKADAAP DEKVLDSGFR ELENKAIQDP RLFAEEKAVA120  
 DTRDQADGSR ASVDSGSSEE QGGSSRALVS TLVPLGLVLA VGAVAVGVAR ARHRKNVDRV180  
 SIRSYRTDIS MSDFENSREF GANDNMGASS ITQETSLGGK EEVATTEST TETKEPKKAK240  
 RSSKEEAEMA YKDFLLQSST VAAEAQDGPQ EA 272

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 326

- (A) LÄNGE: 241 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 326:

TLVFGRLRTK PFRIPGFLQR KRRWQIQEIK PMGAEHLWIP AALRNKVEAP ERWSPPWCPW 60  
AWCWQWEPWL WGWPEPGTGR TSTEFQSEAT GQTLACQTSR TPGNLEPMTT WEPLRSLRRH120  
PSEKKSLLP PLRAPQRPNK PRRQKGHPRR KPRWPTKTSC SSPAPWPPRP RTAPRKPRRC180  
15 RRLLPAPMTI TFRIMSILGP SAPGDPTPCS NTCLGFSYCP QRRAGPLLSG IKAWPNCSYW240  
G 241

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 327

20

(A) LÄNGE: 121 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 327:

35

AVVRVTWYKG EGITLPPVLT PALVRGESIP IRLFLAGYEL TPTMRDINKK FSVRYYNLV 60  
LIDEEERRYF KQQEVVLWRK GDIVRKSMH QAAIASQRFE GTTSLGEVRT PSQSLDNCR120  
Q 121

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 328

40

(A) LÄNGE: 140 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

50

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 328:

5 GETRVHSQQG GGIKAPSWDW FFREPGPLVK GLLGHVKQYL EQPRPWGYQV ERREGRRLLPC 60  
THLPWWAGFS LLGSTLPSPV HDTDFRASPC PRPSYRLLFQ DITDNPERME KGGAWVPAVS120  
GQKEVACGNL RSPHPRFPKR 140

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 329

10 (A) LÄNGE: 127 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 329:

25 VFPCHLVGAG PTPATTSGTA KGSTRCDYPG PCWQLRIPGT CSDPVSGSSE SQEPRMRALC 60  
SPSSKTQGSF PRKGAHVPQR GWLPGCYLFY PTSAESQGE TASHPKPLGF SREKNLSQKH120  
DLFSGCK 127

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 330

30 (A) LÄNGE: 418 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 330:

45 GSTSTKNTKI SQACGVIVEL IKSCKMAGGA VLLAGPPGTG KTALALAIQ ELGSKVPFCP 60  
MVGSEVYSTE IKKTEVLMMEN FRAIGLRIK ETKEVYEGER TELTPCETEN PMGGYGKTIS120  
HVIIGLKTAK GTKQLKLDPS IFESLQKERV EAGDVIYIEA NSGAVKRQGR CDTYATEFDL180  
50 EAEYVPLPK GDVHKKKEII QDVTLHDLVD ANARPQGGQD ILSMMGQLMK PKKTEITDKL240  
RGEINKVVNK YIDQGI AELV PGVLFVDEVH MLDIECFYTL HRALESSIAP IVIFASNRGN300  
CVIRGTEDIT SPHGIPLDLL DRVMIIRTML YTPQEMKQII KIRAQTEGIN ISEEALNHLG360

EIGTKTTLRY SVQLLTPANL LAKINGKDSI EKEHVEEISE LFYDAKSSAK ILGLTRQG 418

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 331

- 5 (A) LÄNGE: 142 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 331:

20

VPQCGLGANL PQVVQCLLTD VDSFRLGTDF NDLFHFLWSI QHGPDYHHSV QKVKRDAVRG 60  
CDVLSASDDT VASVGCKDDD GSDRRLLQGAV QVGEALNVQH VDLINKQHTR DQLSNALVDV120  
LVHHLINLPS KFCVDFCLLW LH 142

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 332

25

- (A) LÄNGE: 124 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 332:

LAHHGQDILS PLGPRISHIQ VMQGHILDDF FLFVHIPFWQ GDILFSFKVE FCGIGITPAL 60  
PLHGPVTGFGN VNHISFYSL FLQTFKNAGV QFQLFGSFGC FESYDHMANG FAISSHGILC120  
LTRS 124

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 333

- (A) LÄNGE: 176 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
50 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 333:

QAMGKKQKNK SEDSTKDDID LDALAAEIEG AGAAKEQEPQ KSKGKKKKKK KKQDFDEDDI 60  
LKELEELSLE AQGIKADRET VAVKPTENNE EEFTSKDKKK KGQKGKKQSF DDNDSEELED120  
KDSKSKKTAK PKVEMYSGSL TNFLKKLKGK LKNQIRSGMG QRRMRITVKK LKSVQE 176

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 334

(A) LÄNGE: 193 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

20

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 334:

RFKIKKDCKT ESGNVLWEFN KLPKKAKGKA QKSNNKWDGS EEDEDNSKKI KERSRINSSG 60  
ESGDESDEFL QSRKGQKKNQ KNKPGPNIES GNEDDDASFK IKTVAQKKAE KKERERKKRD120  
EEKAKLRKLE EKEELETGKK DQSKQKESQR KFEEETVKSK VTVDTGVI PA SEEKAETPTA180  
AEDDNEGDKK NER 193

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 335

40

(A) LÄNGE: 118 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 335:

5 ETVAFARPF PSLFSFPPLS SFLFLIFRS FCLLHCHLLQ LWESLLSLQR QELLQYQQL 60  
WILQFLLQIS FEIPFVYSDP FYLFLTLLFL SASAVSLFLH LAFFSRAPSF LPSFGPLS 118

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 336

- 10 (A) LÄNGE: 230 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

20 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 336:

25 LQRLPPGAE RPAHLCTGPG GEDGAGGRVP GTRPQRPPAL QRAEDGRQGG LRVAGTAGPP 60  
PGVPLRPGQG GSGHQEQGAS HPGSLDQGLT GAKRPQGCFA CGRRPPCVGG VPGSAHRPQP120  
EGAALRRGRS RLQQAGPCCC RVLWLRRCBP AGLPRRPPAA DPGARAAAGG RHLVCRSPLH180  
PGLRPPLPQW GLLRPEGGCL CVPVSRGILR TALREGAGGE VSGGRGYLGL 230

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 337

- 30 (A) LÄNGE: 416 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 337:

45 QDGSFPFLAD FNGFSHLELR GLHTFARDLG EKMALEVVFV ARGPSGLLLY NGQKTDGKGD 60  
FVSLALRRDR LEFRYDLGKG AAVIRSREPV TLGAWTRVSL ERNGRKGALR VGDGPRVLGE120  
SPVPHTVLNL KEPLYVGGAP DFSKLARAAA VSSGFDGAIQ LVSLGGRQQL TPEHVLQRQVD180  
50 VTSFAGHPCT RASGHPCLNG ASCVPREAY VCLCPGGFSG PHCEKGLVEK SAGDVDTLAF240  
DGRTFVEYLN AVTESEKALQ SNHFELSLRT EATQGLVLWS GKATERADYV ALAIVDGHQLQ300  
LSYNLGSQPV VLRSTVPVNT NRWLRVVAHR EQREGSLQVG NEAPVTGSSP LGATQLDLDG360

ALWLGGGLPEL PVGPALPKAY GTGFVGLRD VVVGRRHPLHL LEDAVTKPEL RPCPTP 416

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 338

- (A) LÄNGE: 241 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 338:

NQHMKNNTAMA RPRYPGRRQR STPSHSELLS IAPRRRAWGVA EGYGHVQGGW AGPAEGQDTQ 60  
IGPGLASAPQ QPGLAQAAARE QRRAPVSSNI VWKSQYWRRR PRQGPEHTQE GAAQIGAWKG120  
PVGSPGGGRAP SDLSSPFLSG TRVPPD GARV IQEPGLLP GG DTVGQAQCKA GAQHLEAGVC180  
VLRLPSTPSP PRCHLACPSL STRSVCSTAA WTEGRPGQQS LRPTLRQENH IKKRQVYKNR240  
K 241

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 339

- (A) LÄNGE: 79 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 339:

LLQPQGEMPP GNPPMSTRGQ EATVLRTPEN LAGELFLVHP SLQLYLCPAD NVKDWSKVVL60  
AYEPVWAIGT GKTATPQQG 79

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 340

- (A) LÄNGE: 62 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 340:

FPVGVQLQSCQ YQWPTQAHRP GRPCSSPSRY LQGRDTAGGK GEQERALQPG SPEYEERWPP60  
AP 62

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 341

15

(A) LÄNGE: 80 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 341:

SLLGCCSLAS TNGPHRLIGQ DDLAPVLHVI CRAEIQLEGR VNKKESSQV LRSTKNGGLL60  
PPSGHWGISR WHLPLGLEKS 80

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 345

(A) LÄNGE: 257 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

40

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 345:

KNLSQLEPRE NAKKEVRKER GMGWVAAGAA QLLSLLSTST ASDSSVISSS ACTSGLLPRR 60  
 RSPASPRSAH LHHLGGLLEHF HLALADLLDV EGEGLVHVDV GLGARVHHVV GREGFAQLVP120  
 RRLQFLAPLG GHQARAQLVH ALLQGVPRLL QVFLGLEARL LQVLGAGHLG LLHLLLGEG180  
 5 LEVVHAPQAL RLIRSARDSS ITSSTSTASS DESSSAAASS SGRSPSPSSS PSFSGSASDS240  
 FSDLMLSLA GSFTSSW 257

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 346

10 (A) LÄNGE: 237 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 346:

25 KSRRCQRRR ARSWARASGP RRTQRRWSFR RTRRWRLRRL LRSPAQSVSS AGPAARGRLQ 60  
 EGLQGEDGE DQAYPREPG EDAPQDQKPK GEDAAHPGEA HEQAGHAPGA RRAARETEDV120  
 AGQVAQILHA RPRGVRLQD RGLQATLHL PRQEDPRGPG GSAQGHDRGG GGRSGGRPAT180  
 CGAGAAPTCT RCWRSRPSRT PCWWTRATAT ERPPLPPTPF LAPSELPLSH SLSARAG 237

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 347

30 (A) LÄNGE: 263 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 347:

45 GRLPGYPDRR GPGASSAGAQ AAEPSPGAGS EELIKSDQVN GVLVLSLLDK IIGAVDQIQL 60  
 TQAQLEERQA EMGAVQSIQ GELSKLGKAH ATTSNTVSKL LEKVRKVSVN VKTVRGSRLR120  
 QAGQIKKLEV NEAELLRRRN FKVMYQDEV KLPKLSISK SLKESEALPE KEGEELGE180  
 50 RPEEDAAALE LSSDEAVEVE EVIEESRAER IKRRACGAWT TSRRPSPRRR WRRPRCVPAR240  
 TWRRRASRPR KTWRRRGTPW RSA 263

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 348

(A) LÄNGE: 106 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 348:

SSGSSSRFGSS GSRRRYASLY FCCAIEDQDN ELITLEIIHR YVELLDKYFG SVCELDIIFN 60  
FEKAYFILDE FLLGGEVQET SKKNVLKAIE QADLLQEEAE TPRS GS 106

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 349

(A) LÄNGE: 78 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 349:

LFLMPQNKVR MVICQEFFIT VSYKKRVALL TVLCVKSLEK ARMFPLGYLL KNLFCFPPL60  
RSAAHFTAAS FLSMALPS 78

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 350

(A) LÄNGE: 65 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 350:

TCLHGLYFHL YMLGWIKLCC DCDQHS GHVS TVLSHRQLVV INVQRTKKKK GAASLGGITG60  
SGVKR 65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 351

10

(A) LÄNGE: 196 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 351:

LPGLPLRQLG GVCHGHRPGL LLHQQHGGGA GAVQQPQREE EALHDPGQGS APAELCQFQQ 60  
HVPRFPLQQP QAVQEGGGAG AGQGLVLWQP GAGLQGVQPG DDGAPDLQHG DAAGDSHHDD120  
PAQELPAAEH RAQGPGGPRP ALRGGARSNC RVCLVQMCPE APEGSHQLMP ASDPQQGWFA180  
30 AAAQGEPVSD PGHHHH 196

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 352

(A) LÄNGE: 361 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 352:

SLASLSDSLGL VSVMATDQDS YSTSSTEEEL EQFSSPSVKK KPSMILGKAR HRLSFASFSS 60  
MFHAFLSNNR KLYKKVVELA QDKGSYFGSL VQDYKVYSLE MMARQTSSTE MLQEIRTMMT120  
QLKSYLLQST ELKALVDPAL HSEEELEAIV ESALYKCVLK PLKEAINSCL HQIHSKDGSL180  
50 QQLKENQLVI LATTTTDLGV TTSVPEVPMK EKILQKFTSM HKAYSPEKKI SILLKTCKLI240

YDSMALGNPG KPYGADDFLP VLMYVLARSN LTEMLLNVEY MMELMDPALQ LGECSYYLTT300  
 TYGALEHIKS YDKITVTRQL SVEVQDSIHR WERRRTLNKA RASRSSVQPL HLRVVPGARA360  
 A 361

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 353

- (A) LÄNGE: 161 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 353:

VDGFLQGLQD TFFVQGRLYNC FELLGVOGG VHQGLELGAL QQVALELGHH GANLLQHLRA 60  
 GGLARHHLQA VHLVVLHQAA KVRALVLRQL HLLVQLAVV GEESVEHAAE TGKAQPVPSL120  
 AQDHGGLLLH AGAAELLQLL LRAAGGVGVV VGGHDRHPQA V 161

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 354

- (A) LÄNGE: 218 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 354:

SGRGPKYVID VEQPFSCSTSL DAVVNYFVSH TKKALVPFLL DEDYEKVLGY VEADKENGEN 60  
 VWVAPSAPGP GPAPCTGGPK PLSPASSQDK LPPLPLPNQ EENYVTPIGD GPAVDYENQD120  
 VASSSWPVIL KPKKLPKPPA KLPKPPVGPK PEPKVFNGGL GREASSVSA QPLLSPQAGL180  
 GRHGRQSYRR SWEKRRGTGS MVSDTPGTSG LVPGRARW 218

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 355

- (A) LÄNGE: 253 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 355:

15 AGEGVDGLTQ ETPLKPVSQL PGFAGAPTGR RGQAEDPGSV MASALRPPRV PKPKGVLPSH 60  
YYESFLEKKG PCDRDYKKFW AGLQGLTIYF YNSNRDFQHV EKLNLGAF EK LTDEIPWGSS120  
RDPGTHFSLI LRNQEIKFKV ETLECREMWK GFILTVVELR VPTDLTLLPG HLYMMSEVLA180  
KEEARRALET PSCFLKVSRL EAQLLLERYP ECGNLLLRPS GDGADGVGHH AADAQRDARG240  
PALQGEAGGA PST 253

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 356

20

(A) LÄNGE: 118 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 356:

LTTASREVQE NGCSTSITYL GPLPLHLVMP DHVRPVVHLP RGDRHRRRRP RWAAAAGSRT 60  
RGSAPGAVVP PAGSPSGSTR VSPVHGAPPL WPRLQTSCIG AQEAGSSRSR HGAPPPLR 118

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 357

40

(A) LÄNGE: 223 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

## (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 357:

5

DHTCGCAGNL QEAIMLRSGV TSQGIHPGSP WCCTPTQAEI IVGDQSGAIH IWLKTDHNE 60  
 QLIPEPEVSI TSAHIDPDAS YMAAVNSTGN CYVWNLTGGI GDEVTQLIPK TKIPAHTRYA120  
 LQCRFSPDST LLATCSADQT CKIWRTSNFS LMTLSIKSG NPGESSRGWM WGCAFSGDSQ180  
 YIVTASSDNL ARLWCVEGE IKREYGGHQK AVVCLAFNDS VLG 223

10

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 358

(A) LÄNGE: 193 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

15

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 358:

30

FFFFFFFFFP EQHLRVGLLL LPPRLSPRPG PAWPVPNPVG WPGHLHQGGQ LLAGTNKPFH 60  
 LAMVVVFSMD RGPETRAGRG REHTSLGVGT SLRPLSSFPG SADFPQCRL AQSRVQPGL120  
 GRALSHLDKQ LGAESPRAAW PSRRRHRGP SGPVAQAGRG GSALTWVLHG SLQLPPPAPG180  
 SPEGSQASFA HCH 193

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 359

35

(A) LÄNGE: 251 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 359:

PGCCMGPPSSC HHLHQAVPRG HRLAQHTVIE GQADNSLLVA AILSLDLSSL HTPEPGQVVR 60

GSSDDVLGVP REGAAPHPA GGLPGVAALD AQLRHQGEVG RPPDLARLIS RAGGEERGVG120  
 AEATLQGVAR VGRDLSLGDE LGHLVTNAPR QIPDIAVSGA IDSCHVAGVG IDVGGRDGD180  
 GLRDQLLVV CFQVPDSDP ALVTHDELCL GWGAAPGTPR VNALGGHTGP QHDCFLQVTS240  
 TSACMILTSS C 251

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 360

- (A) LÄNGE: 50 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 360:

GNIPHSNLTD ASSPKRIKIV ACTDQENILG RMKYVCLFFF KNKGFWNSGE

50

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 361

25

- (A) LÄNGE: 59 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 361:

KGNQLYQGET RALGTMTRT AFILHSDCF QSSNDCQATS QMTDNFCCSF LYKMLRQQA 59

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 362

45

- (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 362:

10

DKILLSPRME CSGMIMAHCS LDLPGSHLSL PSSWDHRHVP PCPANFYFGR DKVSPCCLGR60  
FQTPGLK 67

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 363

15 (A) LÄNGE: 84 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 363:

30

MRRCIHPSHS LSGSRQTQSP LSHSASNGST TKVAQQMRRR AAVVGESTEE TRLGRALGAA60  
GFTNKQLSEN TAQGEKRVN CLQN 84

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 364

35 (A) LÄNGE: 127 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 364:

50

CAYRTEKWKS HTVPCSPEVK LVLTLALRAF SSMEPLGLGR KARVSAHRHT SYLQDIDCLC 60

RGSTGQPTAN TAASLVASL LPVHPGDYSW INLPKNSAFI MSLFCSKTQN GSLPPRGRPS120  
 HHCIPNR 127

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 365

- 5 (A) LÄNGE: 114 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF  
 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 365:

- 20 PYVHSPA WSP WGLVGR LVS HTDIPATFRT LIVSAEVALG SQLQTQPPW FQLLSFYIL 60  
 ETTPGLIFLR TQSLCHFSV RPKMAPCHL EADQVITVSP TASTVCIWYI VQAP 114

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 366

- 25 (A) LÄNGE: 30 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF  
 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 366:

- 40 NLHSNIKVFF YNVPKISGPQ QAVFVPVFFN 30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 367

- 45 (A) LÄNGE: 44 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 367:

10 KECMSEAQFL ATTLTKGNNC RGILQLIHTQ HLLHTVFTDS NLVG

44

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 368

(A) LÄNGE: 34 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 368:

30 NVDFRCKNML EIRFSAIKPN TKKIKKNVCQ KPNS

34

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 369

(A) LÄNGE: 147 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 369:

50 QPSSLLHHCP YPYPPRHLLA TPLLKPQLLA GSPAHLIS FLASPQRASR QHGGPSQRAG 60  
TLSCPLVELG GSSGGRGLCH GSADPTNRAA EPQERGEPA GDRRPLPEWG RVSLAESPGA120  
EFRCPGSLGE WGEIPEKESS AHPKTEE 147

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 370

- (A) LÄNGE: 244 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 370:

NHSCWQGPQL MPASSPFLLA PKGPPGNMGG PVREPALSVL LWLSWGAALG AVACAMALLT 60  
QQTQLQSLRR EVSRLQGTGG PSQNGEGYPW QSLPEQSSDA LEAWESGERS RKRRAVLTQK120  
QKNDSDVTEV MWQPALRRGR GLQAQGYGVR IQDAGVYLLY SQVLFQDVTF TMGQVVSREG180  
QGRQETLFRG IRSMPSHPDR AYNSCYSAGV FHLHQGDILS VIIPRARA KL NLSPHGTFLG240  
FVKL 244

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 371

- (A) LÄNGE: 185 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 371:

TPASWIRTPY PWACRPLPRL RAGCHITSVT SESFFCFWVS TALLFRDLSP LSQASRASEL 60  
CSGRLCQGYF SPFWEGPPVP CSRLTSLRL CSSVCWVSRA MAQATAPRAA PQLNQRATES120  
AGSLTGPPML PGGPLGASKK GDEAGMSWGP CQQLWFQEWG SKEVAGRVRV RAVVQKGRRL180  
LRKEK 185

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 372

- (A) LÄNGE: 148 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 372:

VLYHCASRYR RRARQTCAPS YTRSADLPSR TPPVEDLLEL SRAFWVGADG GGRVRVLGGT 60  
EAHEDGIPPE SMDHYADGHR PQHCHLGYRC HGRPQREGLP RCLKVPPVNL SSVSVFPFVT120  
HRAGMEFNGC SGQTLVHGQT SLLWILQD 148

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 373

(A) LÄNGE: 135 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 373:

CLPVRRRLRQF EPKTPKVEAE FQSMGSRSLQ PFESYITAPP GTAAAPAKPA PPATPGAPTS 60  
PAEHRLLKTC WSCRVLISGLG LMGAGGYVW VARKPMKMGY PPSPWTITQM VIGLSIATWG120  
35 IVVMADPKGK AYRVV 135

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 374

(A) LÄNGE: 152 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

40

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 374:

IPCLLCVSRG KGQRQKTDLS VVLSNNAVGL PFGVCHDNDT PGGNAEADDH LRNGPWTRGV 60  
SHLHGLPCHP VHVPARPHQP QPRKHATAPA GLQQAVFCWG GRRSGCSWGR RFGGRGGGTG120  
5 RRSDIGLKRL GQPRPHALEL GLNLGRLWFK LA 152

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 375

- (A) LÄNGE: 107 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
10 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 375:

GAELQLRSCA MAVSQEGLDG EVKAPDARIF IPCANTAFTP DLQVLQQVLS SFTVSSPLFH 60  
25 SGFICYTPNL FSQSTPQSLP CWGQHRKRQN LRKEGNLQP AMDLMIP 107

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 376

- (A) LÄNGE: 113 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
30 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 376:

IPKNFYHNIH RSLYQLYLEV KQAWESIDCS ACPRVEALNK ATKTPFITDL TFQWPTGPGS 60  
45 GQVGHQANHL FPCASLCKSW SVPLARPSLV QDLGPQTKES RGLGFPDPRM VSL 113

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 377

- (A) LÄNGE: 124 Aminosäuren  
50 (B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 377:

15 FGGPQAQPHS AVGSSLSSQI QVNLSEFKNKG EPQTCSTTRD NNTPWQEDHV LDCLRTATVR 60  
QEACCDPLCS MPIAQASSIP YHLPPMLFFG TTTAKREYG KQRPRALLQY RHFVGRQHM120  
LHSL 124

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 378

(A) LÄNGE: 66 Aminosäuren

20 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 378:

35 HKIILISRYR RNSVVTQAI LYTPMILQRK HPSLLPLLW QLKICSSSTL KRRKRNNLSL60  
IPKLPH 66

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 379

(A) LÄNGE: 67 Aminosäuren

40 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

50 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 379:

5 PEKSPGAGPL LGGSPFFFFF YVSKSTEFIL KHSIKFESHE TKASLHYMLI LAKSKDQHTI60  
DIHDNVV 67

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 380

10 (A) LÄNGE: 71 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

20 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 380:

25 FCIHFEC LHV KTQLIYYFNI KPISFEAKLI LLFYKSNGDS FFRMLKAQCL REMLAALLAL60  
LLPEMKTQON R 71

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 381

30 (A) LÄNGE: 107 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

40 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 381:

45 MDGAQGRLLP VSSRHSNLAL LKPTSRDLTA PPEGASLMTV GGITAPRDVQ VWNPRTWESV 60  
TLRGKRDPAP VLQFRISWWG DDRGWLRWAL SNHGGPYKGR GVTRVCA 107

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 382

50 (A) LÄNGE: 143 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 382:

15 EVENHTNLLS YSSRGQESKM VFTRLKSCQC GFVSPRRLWG RIQCLFQLLQ GPPHRLAPGL 60  
LAIFTARSFL ASCADPRDSP SLIRAPMITQ GPPQPSTVIS PPRNPELKHR RRVPFATQGN120  
TFPRPGVPNL DISGGCYSTH RHQ 143

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 383

(A) LÄNGE: 86 Aminosäuren

20 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 383:

35 SHTHAQLSNH GGVQEPPLPL GVPKPGWSDS GALS RPGCKL KTPGGFQNAQ CLGHNLDQLN60  
LNLQRDITAP QETPRGSQSA KPEETI 86

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 384

(A) LÄNGE: 123 Aminosäuren

40 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

50 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 384:

5 LEP1RFQQKV MEKETEKRIE EIEDAAFLAR EKAKQDAEYY AAHKYATSNK HKLTPEYLEL 60  
 KKYQAIASNS KIYFGSNIPN MFVDSSCALK YSDIRTGRES SLPSKEALEP SGENVIQNKEL 120  
 STG 123

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 385

10 (A) LÄNGE: 83 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 385:

25 DNSCVRYVEA QQKSHGTTSR NLSAVRPVSL MTVCWLCQTL YLGKESPDLN GSFPWALSYR60  
 GICNMEKIIF HFCSFNSINS LYK 83

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 386

30 (A) LÄNGE: 88 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 386:

45 CLTFQCRQYL S1RLSSFMS S1LERN1YRIL DKTVAEKTIC VSDSWLYPPI SGAPRTIAGE60  
 VEQMKCKFSV NLKSPYND1CS HLTPWATS 88

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 387

50 (A) LÄNGE: 105 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein

- (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 387:

15 TCEPFRNPQV GKDP T PSLRI ICLAITGSWK CFLGCVKINQ GGMKHIFLAT KLEFLREQMQ 60  
RDLLLLARLQ GPLWSHTEAV TGHKPRRARG SCAEAPGPLS GSFPS 105

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 388

(A) LÄNGE: 173 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 388:

35 AQESPWQLCR GARTSKRKLP KLGMEQHCNE MCPSSSLFLP GAYKAQMYSD VWTNTKKKKK 60  
KKKKKAFLSH RHKTQIIYCY EALFTNGQFL HFIAACERLP DGRPISLVLQ TSSQAAFYQK120  
GENSCLSFLK NAFLYLSIRH YTSELYKRPG GTMSLVDTFH CSVAPFLAWE ASA 173

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 389

(A) LÄNGE: 105 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 389:

5 TCEPFRNPQV GKDPTPSLRI ICLAITGSWK CFLGCVKINQ GGMKHIFLAT KLEFLREQMQ 60  
RDLLLLARLQ GPLWSHTEAV TGHKPRRARG SCAEAPGPLS GSFPS 105

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 390

10 (A) LÄNGE: 262 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 390:

25 RCPRRGREMD SGCWLFGEF EDSVFEERPE RRS GPPASYC AKLCEPQWFY EETESSDDVE 60  
VLTLKKFKGD LAYRRQEYQK ALQEYSSISE KLSSTNFAMK RDVQEGQARC LAHLGRHMEA120  
LEIAANLENK ATNTDHLTV LYLQLAICSS LQMLEKTIFC LQKLISLHPF NPWNWGKLAEL180  
AYLNLGPALS AALASSQKQH SFTSSDKTIK SFFPHSGKDC LLCFPETLPE SSLIFCGRDT240  
30 RNRKIGKFC KCANLVGERG TG 262

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 391

35 (A) LÄNGE: 66 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 :

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 391:

50 KPVPLSPTRL AHLQNFPIFL PFLVSLPQKI KLSGKVS GK HKRQSFPECG KKDLIVLSLE60  
VKLCCF 66

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 392

- (A) LÄNGE: 78 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 392:

QAGGRVPWLN GLCWLLYFPS LQQSPAPPYA YPGEPDTEPD LPGHPFSWQN WLMTIFQRYW60  
NTPAVLSDTL VVCRPGLL 78

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 393

- (A) LÄNGE: 79 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 393:

TSLEGIDLQP SHLTIYTAAL KEKTPDFRRL SPRVSETADS RKVARGPREV MRDNPGRGGD60  
HRGLQAPGWM KEGRGWVL 79

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 394

- (A) LÄNGE: 72 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 394:

VTTPPPSQIS SFLPPSTAPF TKPPIPDPSS STPAPGDPYD HPRARGCPAL QIGAHGRPYG60  
SPRSFRREER DV 72

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 395

10

(A) LÄNGE: 98 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 395:

PPPPPPKFHP SFRLLOPPLQ NPPSPTLLHP PRRLETPMIT PAPGVVPHYK SGPTGDLTGV60  
RGLRDARRET SEVWRLFLQG CCVDCEVGGL KINSLEGG 98

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 396

30

(A) LÄNGE: 80 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 396:

NWRQTVWQRV REGACAQESS RPASGCRFLR CAIGASAFSG DRGSAVATNT QPHTNHHTK60  
WGQPHPVQAF TNVISVLFFYF 80

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 397

50

- (A) LÄNGE: 309 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 397:

```

YDNSSTCKKG KVFPKGISVT VSETFDPEEK HSMAYQDLHS EITSLFKDVF GTSVYGQTVI 60
LTVSTSLSPR SEMRADDKVF NVTIVTILAE TTSDNEKTVT EKINKAIRSS SSNFLNYDLT120
LRCDYYGCNQ TADDCLNGLA CDCKSDLQRP NPQSPFCVAS SLKCPDACNA QHKQCLIKKS180
20  GGAPEACACVP GYQEDANGNC QKCAFGYSG L DCKDKFQLIL TIVGTIAGIV ILSMIIALIV240
TARSNNKTKH IEEENLIDED FQNLKLRSTG FTNLGAEGSV FPKVRITASR DSQMNPYSR300
HSSMPRPDY                                     309

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 398

25

- (A) LÄNGE: 105 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 398:

40

```

QALIASTTFN VIDSYLASEL DSLQTFTTSI QRGWQMSDGR KTPERSLLV LTSPSVFLNT 60
LNNSLYIGWG PWRVPHSYDS NSQGGACCCV LNRDFASGCL WRPLS                105

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 399

45

- (A) LÄNGE: 75 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 399:

10 CFSCFVICSV SLCTLNIYPL CDKKKKKKKK SRTSTFDFSQ PQRKNGSWD KQLVFVSKTQ60  
IGHINATAFR SFDFD 75

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 400

(A) LÄNGE: 70 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 400:

30 RKKAVCFMND LICFLDNTEK NNVLSQAWWC VHLVPTIWEA EAGGSLEPRS LKLQCPVVAP60  
VNNCTPAWAT 70

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 401

(A) LÄNGE: 69 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 401:

50 LVPQGSLLQT HPFVFFSFLE MRSRYVAQAG VQLFTGATTG HCSFKLLGSS DPPASASQIV60

GTRCTHHHA

69

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 402

- 5 (A) LÄNGE: 80 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 402:

20

PPLWVATVRN GCCHVFWTLP ANRSLPGFGN TSITSLLLFC RDKTFEVARP RTSKDSCYSA60  
TVYTAHLSYS HVLSSLVRLF 80

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 403

- 25 (A) LÄNGE: 81 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 403:

40

LTNMSDHLFG WLLLEMAVVM FSGLCQPTDP CQVLEILLP RCYFSAGIKL LRWPDPEHPR60  
IPVTVLQYTL LIYPILMCFL L 81

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 404

45

- (A) LÄNGE: 75 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 404:

VSHYPHSVSK PPKHQTKQMV VALTHSRLTS EFKWENTPYT TVIIPLWTLN ITYFLKIILL60  
KKKAHENRIN EQCIL 75

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 405

15

(A) LÄNGE: 328 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 405:

RYLNMGNLLK VLTCTDLEQG PNFFLDFENA QPTESEKEIY NQVNVVLKDA EGILEDLQSY 60  
RGAGHEIREA IQHPADEKLQ EKAWGAVVPL VGKLKKFYEF SQRLEAALRG LLGALTSTPY120  
SPTQHLEREQ ALAKQFAEIL HFTLRFDELK MTNPAIQNDF SYRRTLSRM RINNVPAEGE180  
35 NEVNNELANR MSLFYAEATP MLKTLSDATT KFSVSENKLP IENTDCLST MASVCRMVLE240  
TPEYRSRFTN EETVSFCLRV MGVVILYDH VHPVGAFKAT SKIDMKGCIK VLKDQPPNSV300  
EGLLNALRYT TKHLNDETTS KQIKSMLQ 328

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 406

40

(A) LÄNGE: 115 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 406:

5    YYIHLIINFL LRLCRLGIFK IKEKIWPLLK VCACQNFKKI PHVKVPSASA GDSVLVLLSS 60  
     ARASRRSQSR SCALLDRRGG SSAALGGAPG PERGSGGSRT GSPSTPAPVA EPPQA        115

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 407

10        (A) LÄNGE: 100 Aminosäuren  
          (B) TYP: Protein  
          (C) STRANG: einzel  
          (D) TOPOLOGIE: linear

15        (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

          (iii) HYPOTHETISCH: ja

20        (vi) HERKUNFT:  
          (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 407:

25    QEPALALDAG WENMGYLLRL PEDLLMLLLT SEKIRKISLI CLLVEQLHPM PSLATSHLLD 60  
     AGLPLVFRGQ LLCMTASPPR CLLHLLILHS PDYKFPSQTL                    100

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 408

30        (A) LÄNGE: 116 Aminosäuren  
          (B) TYP: Protein  
          (C) STRANG: einzel  
          (D) TOPOLOGIE: linear

35        (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

          (iii) HYPOTHETISCH: ja

40        (vi) HERKUNFT:  
          (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 408:

45    TVLHSHLPSS CLPCLSTHSV KEPRGATSPR LCFPTACGMG VSSATAGLRC FHQPCRHLVL 60  
     HEEQTLRGWS GMGRSPLGGQ ALVPSRFPSL APGVHTAQSA PGGWKPPCFR SLGSPP        116

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 409

50        (A) LÄNGE: 132 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 409:

15 SPDERCSIRT SPPRACPASP RTVLRSEQEP LRPDFVSPPP AAWVCPVPPL ASAASISLVA 60  
TWSFMKSRHL EAGREWGGRP WEGRRWFQAG SRPWRLECTQ PSRHLVAGSH PALDHSGPHL120  
RRVPALDQSR GH 132

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 410

- (A) LÄNGE: 142 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- 25 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 410:

40 WKQRRPAVAL DTPMPQAVGK QSLGEVAPLG SLTLCVERQG RHEEGRCEWS TVHPGISQPE 60  
SPPSLAAPEH SLWPTATEMS ACQDTWRRKK TRHQKKLPPQ EQIELLDQGH TRSGRHPAPC120  
AQQKETQFNV WLLCSRETAT LP 142

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 411

- 45 (A) LÄNGE: 244 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 411:

10 KRRGVRQFRW LVCTRRASPG AARSAPIAPA TGSGRRPNMD SAGQDINLNS PNKGLLSDSM 60  
TDVPVDTGVA ARTPAVEGLT EAEELRAE LTKVEEIVT LRQVLAAKER HCGELKRRRLG120  
LSTLGELKQN LSRSWHDVQV SSAYVKTSEK LGWNEKVTQ SDLYKKTQET LSQAGQKTS180  
ALSTVGS AIS RKLGD MRNSA TFKSFEDRVG TIKSKVVGDR ENGSDNLPSS AGSGDKPLSD240  
PAPF 244

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 412

(A) LÄNGE: 149 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 412:

35 LGHFLIPLSK FLRSFHIGAR DLHVMPAPGQ VLFQLPQGGE AQPPELSTV PLLGCQDLAQ 60  
SDNFLFHLGK LSPDLLLSL CQTLNSRSPG SHTCVDNRIR HGVRQQTFFVR RIQVDILAGG120  
VHVRAASGPC RGRYGSRAGG AGRSSPRTH 149

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 413

(A) LÄNGE: 143 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 413:

5 ALETCTSCQL LDRFCFSSPR VERPSLLSS PQCLSLAART WRRVTISSST LVSSALSSSS 60  
 SASVRPSTAG VRAATPVSTG TSVMESDSRP LLGEFRLISW PAESMFGRRP DPVAGAMGAE120  
 RAAPGEARRV HTSQRNCLTP RRF 143

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 414

10 (A) LÄNGE: 105 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 414:

25 RGRGALWAA KELRRTKKLS DYVGKNEKTK IIAKIQQRGQ GAPAREPIIS SEEQQLMLY 60  
 YHRRQEELKR LEENDDDAYL NSPWADNTAL KRHFHGVKDI KWRPR 105

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 415

30 (A) LÄNGE: 386 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 415:

45 AAELRDCGSR RISRSPSSNS HLSPRISLSG NLGPQTSRLG GPPSPSATWS VFWQLPRQOS 60  
 LPGRGSANLL PSVRSESAVL SDCVGGFPGR SSVRAWIAGP RCTPASPTRV LSLSWRLFNS120  
 ASLLLLATST SGSECRFPRS PRARERGIPD CERLLVRRSC WRS GDPRPAG PAGHAAGAFS180  
 TPQYLG GTAM VLLHV KRGDE SQFLLQAPGS TELEELTVQV ARVYNGRLKV QRLCSEMEEL240  
 50 AEHGIFLPPN MQGLTDDQIE ELKLDKDEWGE KCVPSGGAVF KKDDIGRRNG QAPNEKMKQV300  
 LKKTIEEAKA IISKQVEAG VCVTMEVVKD ALDQLRGAVM IVYPMGLPPY DPIRM EFENK360  
 EDLSGTQAGL NVIKEAEAHG GGQPRS 386

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 416

(A) LÄNGE: 182 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 416:

GVEKAPAAWP AGPAGRGSPD RQQLRRTNSR SQSGIPRSLA RGERGKRHSL PEVDVAKSNS 60  
 EAELKSRQLK LRTRVGEAGV HRGPAIQART ELRPGKPPTQ SERTADSERT DGRRFADPLP120  
 GSDCCRGNCO NTQVAEGEG GPPNRLVWGP RFPLREIRGL RWELLDGERE IRREPQSRSS180  
 AA 182

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 417

(A) LÄNGE: 467 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 417:

HTLSRWTKHS IPRWNDARTD DTWHSELDNR KIGQARNTLM DMRLSQVSDS VSGQTVVDPK 60  
 GYLTDLNSMI PTHGGDINDI KKRALLKSV RETNPHHPPA WIASARLEEV TGKLQVARNL120  
 IMKGTEMCPK SEDVWLEAAR LQPGDTAKAV VAQAVRHLPQ SVRIYIRAAE LETDIRAKKR180  
 VLRKALEHVP NSVRLWKAAR ELEPEDARI MLSSRAVECCP TSVELWLALA RLEYENARK240  
 VLNKARENIP TDRHIWITAA KLEEANGNTQ MVEKIIDRAI TSLRANGVEI NREQWIQDAE300  
 ECDRAGSVAT CQAVMRAVIG IGIEEEDRKH TWMEDADSCV AHNALECARA IYAYALQVFP360  
 SKKSVWLRAA YFEKNHGTRE SLEALLQRAV AHCPKAEVLW LMGAKSKWLA GDVPAARSIL420  
 ALAFQANPNS EEIWLAAVKL ESENDEYERA RRLAKARTV PPPPGCS 467

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 418

(A) LÄNGE: 352 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 418:

TPGRWGHCPR LGQPPGGLV LIILGLQLHG CQPDLLTVGV GLEGQQQDAP CCRHIPCQPL 60  
GLGAHEPQHL CFGAVGHSPL QECFQGLPSA MVLLEVRGAQ PHTLLAGEHL QGVGVDSGCT120  
LQGIVGYTTV SILHPGMLPI FLLNPNPNHG THDGLAGGHT PSPVTFLGIL DPLLTVDLHT180  
VGPQRGDGSV DDLLHHLRVP IGFLQLSSRD PDMSVCRNVL PRLVQDLGI FIGLQPCQSK240  
PELHAGGAAL HSSAQHDSSI FRFFQLNGCF PQANRVWNML EGFPKNPLLC TNVRFQLCGS300  
DVNPDRLWEM TDSLGYHGLG CVPRLQPGCF QPDIFTLGAH LRPLHDKVPS YL 352

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 419

(A) LÄNGE: 424 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 419:

PPGAPFFLFF FFLTRDIKTF NEGGSSEPF HMRPNPAPRR PAMATAQSEG VLDAAGHQPK 60  
DVPDLLLLPVG DVLGHGAPQL PMPRLCTLTA LPHLLLLLLS AMLQLKLVEE GPGIPQVRVN120  
LHSAVEPLPG LGDLPLTPKQ LGHGQEHMGV MLTLLQGIHA LGPPLGPCLE EDGLRPQDTG180  
VGALLQRLGH ECICDVLQPR TVLQPHGLQP QPRVLWVLT RLFQNGPCSS KLPNLLLQPR240  
EQKPQCGGVG TLLQPLVIGF PRLHHLHLL LDLPPLHHPQL GEVLIVPQGL LAQILGCPDV300  
VLHPLQLHRL HEHPGGGGTV RALASSLRAR SYSSFSOSS TAASQISSLL GLAWKARARM360  
LLAAGTSPAS HLDLAPMSHS TSALGQWATA LCRSASRDSR VPWFFSKYAA RSHTLFLLGN420  
TCRA 424

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 420

- (A) LÄNGE: 109 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 420:

GRTLPRGGGT VWVQGHGLEG WWAALSGSGF PAVGFLEWLL RLVEFLSLLP VTPGAPEYRL 60  
FSPWAVSLSC FLTLPLGLLC VHLRLAWSKQ VRPLLLYSLV LFWHLVKLA 109

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 421

- (A) LÄNGE: 177 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 421:

VSVPSSSAAG TLFQGLCGAP DAPHPLSKIP GGRGGGRDPS LSALIYKDEK LTVTQDLPVN 60  
DGKPHIVHFQ YEVTEVKVSS WDAVLSSQSL FVEIPDGLLA DGSKEGLLAL LEFAEEKMKV120  
NYVFICFRKG REDRAPLLKT FSFLGFEIVR PGHPCVPSRP DVMFMVYPLD QNLSDED 177

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 422

- (A) LÄNGE: 114 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 422:

10 ASRPYILELR EKDPCRPLAH RGSSTVGEGH QEHRGPGTM CLQHWSWGH LNKILLSWV 60  
FIILGGSAGG GRRRGEWVG GRVGGCGVAR AGRSLWAKSL SGRGRVPSSC LSER 114

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 426

(A) LÄNGE: 50 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 426:

30 PFCSSLAKLQ GIWGMWDLQF PAPASALSQV LTPAPASAPA PGRAPAPAAA 50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 427

(A) LÄNGE: 114 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 427:

50 EDKMRPGLSF LLALLFFLGQ AAGDLGDVGP PIPSPGFSSF PGVDSSSSFS SSSRSGSSSS 60

RSLGSGGSVS QLFSNFTGSV DDRGTCQCSV SLPDNNFPVD RVERWNSQLI VISQ

114

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 428

5

- (A) LÄNGE: 113 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 428:

EITMSCEFQR STLSTGKLLS GRETEHWQVP RSSTEPVKLE NNWDTEPPLP KLRLELEPDL 60  
EELKLELES TPGKELKPGL GIGGPTSPKS PAAWPRKNRR ARRNERPGLI LSS 113

25

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 429

- (A) LÄNGE: 50 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 429:

AAAGAGARPG AGAEAGAGVN TWERAEGAG NWRSHIPQIP CSLAKEEQKG

50

45

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 430

- (A) LÄNGE: 224 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 430:

QTQKVVTSP RITLHWLLPC AAHPPDLHKK GQENSGCAPA TAHSAPPGRS PPELRAGLQR 60  
 LARAVLPVSR FSAPQPPAAS FSGPRVAPSE ESGPGTSSNS GRLALPRLRS LCPLGVARPR120  
 CCRALARCCC SSSPRTAAWA RRAGSSSLAS PTSPTS AELQ AHPGQPAAVP RHRIPEHAAA180  
 15 QPAGPRDHEG GAGAGRRLDP AGHEAVPPGH QEVPVLALRP RLPR 224

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 431

(A) LÄNGE: 408 Aminosäuren

20

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 431:

35 PALLGLPFIG SSLAPPTLQI CIKKAKKTLA VPQQRLLLP RVGAPRSCAR ACSASPALSS 60  
 RCPASPRPSR RLPAPRGPEP HPAKRAGPGQ ARTPAASPFP GSAPSAPSGS RAHDAAGPWL120  
 AAAALPRLAL LPGLGARALP LWPARLLLQA QNCKPIPANL QLCHGIEYQN MRLPNLLGHE180  
 TMKEVLEQAG AWIPLVMKQC HPDTKKFLCS LFAPVCLDDL DETIQPCHSL CVQVKDRCAP240  
 VMSAFGFPWP DMLECDRFPQ DNDLCIPLAS SDHLLPATEE APKVCEACKN KNDDNDIME300  
 40 TLCKNDFALK IKVKEITYIN RDTKIILETK SKTIYKLVG SERDLKKSVL WLKDSLQCTC360  
 EEMNDINAPY LVMGQKQGGG LVITSVKRWQ KGQREFKRIS RSIRKLQC 408

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 432

(A) LÄNGE: 323 Aminosäuren

45

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 432:

VISFTFIFSA KSFLQSVSIM SLSSSFLFLQ ASHTFGASSV AGRRWSLLAR GMQRSLSWGK 60  
RSHSSMSGQG KPKADMTGAQ RSFTCTQSEW HGWMVSSRSS RQTGAKSEHR NFLVSGWHCF120  
MTSGIQAPAC SSTSFMVSWP SRLGSRMFY SMPWHSCRLA GMGLQFCACR RSRAGQGRGA180  
RAPSPGSSAR RGRAAAASQG PAASWARDPE GAEGAEPGKG EAAGVRACPG PALFAGCDSDG240  
PRKAGSRRLG RGEAGHREDS AGEALQARAQ LRGAPTRGSR MSRCWGTARV FLAFFMQIWR300  
VGGAREEPMK GNPRRAGHYF LGL 323

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 433

(A) LÄNGE: 333 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 433:

RGRTWELFLA GRRVLVTGAG KGIGRGTVQA LHATGARVVA VSRTQADLDS LVRECPGIEP 60  
VCVDLGDEWA TERALGSVGP VDLRGDCADM ELFLAGRRVL VTGAGKGIGR GTVQALHATG120  
ARVVAVSRTQ ADLDSLVRER PGIEPVCVDL GDWEATERAL GSVGPVDLLV NNAAVALLQP180  
FLEVTKAEAFD RSFEVNLRAV IQVSQIVARG LIARGVPGAI VNVSSQCSQR AVTNHVSVCY240  
TKGALDMLTK VMALELGPHK IRVNAVNPVT VMTSMGQATW SDPHKAKTML NRIPLGKFAE300  
VEHVVNAILF LLSDRSGMTT GSTLPVEGGF WAC 333

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 434

(A) LÄNGE: 210 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 434:

5

APGHNLRHLD DRTQVHLKGS VKGLLGDLQE GLQQGDSGVV HQQVHGAHAA QRPLGGLPVT 60  
QVHAHGFYPR ALADKAVKIR LSPAHHHPR ARRQRLDRA APYTFACPGD QHPAAREEQL120  
HVGAVSAQVH GAHAAQRPLG GLPVTQVHAH GFYPRALADK AVKIRLSPAH SHHPRARRVQ180  
RLDRAAPYTF ACPGDQHPAA REEQLPCSPT 210

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 435

(A) LÄNGE: 132 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

15

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 435:

30

FFFFFFFFFL GSRIRFIGGI GGRMSTAWGL RCVEGAQQAQ KPPSTGKVEP VVMPLRSLSR 60  
KRMAFTTCST SANLPSGIRF SIVLALWGSL QVAWPMDEVIT TVGFTAFTRI LWGPSSRAIT120  
LVMSMRAPLV EQ 132

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 436

35

(A) LÄNGE: 94 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 436:

50

KAKSWVPSDF RFQELPENTR SQRVIFWSLF CRDSWEYGHP APRCGNESSR SGEAALADVQ60  
LAAPVSNQLH PDGVEDRGVG GLLPELHAE PYLV 94

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 437

- 5 (A) LÄNGE: 70 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 437:

20 FSGVCFAGIA GSMATLLHDA VMNPAEVVKQ RLQMYNSQHR SAISCIRTVW RTEGLGAFYR60  
SYTTPSPISC 70

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 438

- 25 (A) LÄNGE: 98 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 438:

40 KAPNPSVLHT VRMQLIADRC CELYICKRCF TTSAGFITAS WSRVAILPAI PAKQTPENYP60  
LRSGVLRKFL EPKIRRNPGI SFLASKMYIQ SAQVSTD 98

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 439

- 45 (A) LÄNGE: 270 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 439:

RSVRRCLKM AAEPQQQKQ EPLGSDSEGV NCLAYDEAIM AQQDRIQQEI AVQNPLVSR 60  
LELSVLYKEY AEDDNIYQQK IKDLHKKYSY IRKTRPDGNC FYRAFGFSL EALLDDSKEL120  
QRFKAVSAKS KEDLVSQGFT EFTIEDFHNT FMDLIEQVEK QTSVADLLAS FNDQSTSDYL180  
15 VVYLRLLTSG YLQRESKFFE HFIEGGRTVK EFCQQEVEPM CKESDHIHII ALAQALSVSI240  
QVEYMDRGE GGTNPFIPE GFRAQGLTLF 270

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 440

20

(A) LÄNGE: 145 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 440:

35

RWRRRLSSR SRSRWAATPK VLTVPMMKP SWLSRTEFSK RLLCRTLWCQ SGWSSRSYTR 60  
SMLKMTTSIN RRSRTSTKST RTSARPLTA TVSIGLSDSP TWRHCWMTAR SCGSRCLCLP120  
RARKTWCPR SLNSQLRIST TRSWT 145

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 441

(A) LÄNGE: 210 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

45

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 441:

IAPSRLKQ GK TLGSEALRED VRIGGAALAA VHVHLHDGHA EGLGQRNDVD VVALLAHGLH 60  
LLLAELLDSP STLDEVLEEL ALALQVARGE QPQVDHKVVG GALVIEGGQQ VGDRGLLLHL120  
LNQVHERVVE ILNCEFSEAL GHQVFLALGR HSLEPLQLLA VIQQCLQVGE SESPIETVAV180  
10 R PGLADVRVL FVEVLDLLLI DVVIFSILLV 210

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 442

(A) LÄNGE: 322 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
15 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 442:

30 NSERGR LQAM MTHLHV KSTE PKAAPQPLNL VSSVTLSKSA SEASPQSLPH TPTTPTAPLT 60  
PVTQGPSVIT TTSMHTVGPI RRRYSDKYNV PISSADIAQN QEFYKNAEVR PPFTYASLIR120  
QAILESPEKQ LTLNEIYNWF TRMFAYFRN AATWKNVVRH NLSLHKCFVR VENVKGAVWT180  
VDEVEFQKRR PQKISGNPSL IKMQSSHAY CTPLNAALQA SMAENSIPLY TTASMGNP TL240  
GNLASAIREE LNGAMEHTNS NESDSSPGRS PMQAVHPVHV KEEPLDPEEA EGPLSLVTTA300  
35 NHSPDFDHDR DYEDFVNED ME 322

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 443

(A) LÄNGE: 103 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
40 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 443:

FGTRAPASHD DPPACEVYRT QSCPSAPESG IKCHPLQVRI GGFSTELTSY SNDPNRPPDS 60  
RHRPRLCHHN HQHAHGGTHP QAVLRQIQRA HFVSRYCAEP RIL 103

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 444

(A) LÄNGE: 101 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

10

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 444:

SLSWSKSGLW LAVVTKDRGP SASSGSRGSS LTCTGCTACI GDLPGLLSLS LLLVCSIAPF 60  
SSSRIALAKL PRVGFPMEAV VYRGILFSAI EACKAALRGV Q 101

25

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 445

(A) LÄNGE: 539 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

30

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 445:

LDVQVKDDSR ALTIGALTLP LARLLTAPEL ILDQWFQLSS SGPNSRLYMK LVMRILYLD 60  
SEICFPTVPG CPGAWDVDSE NPQRGSSVDA PPRPCHTTPD SQFGTEHVLR IHVLEAQDLI120  
AKDRFLGGLV KGKSDPYVKL KLAGRSFRSH VVREDLNPRW NEVFVIVTS VPGQELEVEV180  
FDKDLDDKDF LGRCKVRLTT VLNSGFLDEW LTLEDVPSGR LHLRLRLTP RPTAAELEE240  
LQVNSLIQTQ KSAELAAALL SIYMERAE DL PLRKGTKHLS PYATLTVGDS SHKTKTISQT300  
SAPVWDESAS FLIRKPHTES LELQVRGEGT GVLGSLSLPL SELLVADQLC LDRWFTLSSG360  
50 QGQVLLRAQL GILVSQHSGV EAHSHSYSHS SSSLSEEP EL SGGPPHITSS APELRQRLTH420  
VDSPLEAPAG PLGQVKLT LW YYSEERKLVS IVHGCRSLRQ NGRDPPDPYV SLLLLPDKNR480  
GTKRRTSQKK RTLSPEFNER FEWELPLDEA QRRKLDVSVK SNSSFMSRER DCWGRC SWT 539

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 446

(A) LÄNGE: 99 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 446:

LLCLPAFVSL HHRLNVMSLK LGSKGRACAL QPFHLTGPYS GLCLTKEKNR MFPLLHGLYP60  
SGPLGRGPPEL AVSCFACTLF SLPPNSSGPS VSVPGQWQH 99

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 447

(A) LÄNGE: 112 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 447:

VWIKLFTCST SSNSAAVGRG VRRSRRKCRR PDGTSSRVSH SSRKPLFKTV VRRTLHLPRK 60  
SSLSKSLSKT STSSSWPGTD VTITSKTSFQ RGLRSSRTTW LRKLRPANFS LT 112

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 451

(A) LÄNGE: 56 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 451:

10 FFFFFFFVETGF RHVDETGLEL LASSDLPPQL LKVLGLYRHE PLSLALKRFS QRPSVR 56

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 452

15 (A) LÄNGE: 56 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 452:

30 IREFGISCPPG GISLQEPPL CWRHSFRIRR RREKRKCKGG RSFPGRITISV THMDPR 56

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 453

35 (A) LÄNGE: 57 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 453:

VTEMVRPGKD LPPLHFLFSL LLLILKLCLQ QRGRGSCREI PGPGQEMPNI IYLTEGL 57

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 454

- 5 (A) LÄNGE: 80 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 454:

20 ILAFWRAAPL WHHQTLLCFP STWNSSNIRG CEGLAILLSW VHVSDRNGAA WERSPSFTFS60  
 LLPPPPYSKT VPPTEGQGLL 80

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 455

- 25 (A) LÄNGE: 182 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 455:

40 ARLPLLAED RGQPGSVKDP KMAGRKLALK TIDWVAF AEI IPQNQKAIAS SLKSWNETLT 60  
 SRLAALPENP PAIDWAYYKA NVAKAGLVDD FEKKFNALKV PVPEDKYTAQ VDAEEKEDVK120  
 SCAEWVSLSK ARIVEYEKEM EKMKNLIPFD QMTIEDLNEA FPETKLDKKK YPYWPHQPIE180  
 45 NL 182

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 456

- 50 (A) LÄNGE: 76 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 456:

15 AQSIAGGFSG KAALEVRVS FQDFRELAMA FFWGMISAK ATQSMVFRAS FRPAILGSFT60  
DPGCPRSSAA SNGSRA 76

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 457

20 (A) LÄNGE: 104 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 457:

35 CPECVIOGPE LPPGLNFINS QLVGEANRDT FSCLIWFLGK LHSSPQWSSD QMELSSSSSP 60  
SLSHILQSWP LRETPTQHKI SHLLFLRHPP GQYIYPLARE PSAH 104

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 458

40 (A) LÄNGE: 223 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

50 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO.458:

5 RGAGGHQGES GRPEGWPPPF LHPRGRFQVP WLESVLIVVS NNIDEEALAR LAQEGSEVNV 60  
IGIGTSVVTG PQQPSLGGVY KLVAVGGQPR MKLTEDPEKQ TLPGSKAAFR LLGSDGSPLM120  
DMLQLAEEPV PQAGQELRVW PPGAQEPCTV RPAQVEPLL R LCLQQGQLCE PLPSLAESRA180  
LAQLSLSRLS PEHRRRLSPA QYQVVLSERL QALVNSLCAG QSP 223

10

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 459

(A) LÄNGE: 157 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 459:

30 VIRVSSQPR SESQGDCAH RLFTRACSLD DSTTWYCAGL RSRLCSGLSR LRDSWAKALD 60  
SARDGSGSHS CPCWRQSRSS GSTWAGLTVQ GSWAPGGHTL SSCPACGTGS SANCSMSMSG120  
DPSEPRSRKA ALLPGNVCFS GSSVSFIRGW PPTATSL 157

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 460

(A) LÄNGE: 93 Aminosäuren

35

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

45

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 460:

50 PPLFPHLLFL WGKVSDESCCF QSAPLRVSGG LPRTQTVHQG LQPLGQHHLV LCRAPQPPVL60  
RAESAQQQLG QGSRLCQWE RLTQLSLLEA EPQ 93

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 461

(A) LÄNGE: 328 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 461:

FSLILCKHSI GDRKNYASAK LSELLPEEVE AEVKAAAEIS MGTEVSEEDI CNILHLCTQV 60  
IEISEYRTQL YEYLQNRMMMA IAPNVTVMVG ELVGARLIAH AGSLLNLAKH AASTVQILGA120  
EKALFRALKS RRDTPKYGLI YHASLVGQTS PKHKGKISRM LAAKTVLAIR YDAFGEDSSS180  
AMGVENRAKL EARLRTLEDR GIRKISGTGK ALAKTEKEYH KSEVKTYDPS GDSTLPTCSK240  
KRKIEQVDKE DEITEKKAKK AKIKVKVEEE EEEKVAEEEE TSVKKKKKRG KKKHIKEEPL300  
SEEEPCSTTA IASPEKKKKK KKKRENED 328

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 462

(A) LÄNGE: 124 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 462:

YNRNSFLLIL VLSLFFFLFL FLWTSNCCAG TWFFLRKWFF LNVFLFTPFL LLLHRCFFFF 60  
CHFFFFLFFN FNFNLGFFGF LFSNFILFIY LFYFAFFRTG WKCGVTRRIV SLHFTFVFIF120  
FCFC 124

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 463

(A) LÄNGE: 101 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 463:

SSFSLFFFFFF FFFSGLAIAV LVHGSSSESG SSLMCFFLPL FFFFTDVSS SSATFSSSSS 60  
STLTLLAFL AFFSVISSSL STCSILRFE QVGSVESPEG S 101

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 464

(A) LÄNGE: 427 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 464:

GGSSRRHGGG YAAVALLVLL LLGPGGWCLA EPPRDSLREE LVITPLPSGD VAATFQFRTR 60  
WDSELQREGV SHYRLFPKAL GQLISKYSLR ELHLSFTQGF WRTRYWGPPF LQAPSGAELW120  
VWFQDTVTDV DKSWEKLSNV LSGIFCASLN FIDSTNTVTP TASFKPLGLA NDTDHVFLRY180  
AVLPREVVCT ENLTPWKLL PCSSKAGLSV LLKADRLFHT SYHSQAVHIR PVCARNARCT240  
ISWELRQTLS VVFDAFITGQ GKKDWSLFRM FSRTLTEPCP LASESRVYVD ITTYNQDNET300  
LEVHPPPTTT YQDVILGTRK TYAIYDLDT AMINNSRNLN IQLKWKRPE NEAPPVPFLH360  
AQRVSGYGL QKGELSTLLY NTHPYRAFPV LLLDTVPWYL RLLHPLPACP GPAATPPPGD420  
ADSAAGQ 427

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 465

(A) LÄNGE: 128 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

WO 99/55858

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 465:

SPSILYGSCT CHSHKAFGGP DTGGHPSCR P HQVQSCGSGS KTLSLMWINL GRSSVMSSQG 60  
SSAPLSTSSST PPTQSLPLPP SNPWWPMTL TTTFCAMLCC RGRWSAPKTS PPGRSSCPVV120  
PRQASLCC 128

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 466

(A) LÄNGE: 124 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

20

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 466:

PQAWRRLCRC CSARPVAPGA RRLVPCRTPT RQPAGGTCHH PAAFRGRSRH IPVPHALGFG 60  
ASAGRSVPLQ ALSQSPGAAD LQVFSTGAAP VIHTRLLEDP ILGATLPAGP IRCRAVGLVP120  
RHCH 124

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 467

40

(A) LÄNGE: 106 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 467:

5 FLHKTHNRAV EEAKEPFLCL CSRTERGPLA SVSLVLPLGL YQALRRGMET PHSGAWLGEG 60  
EAAGVLWASR GYNLSSLGNV CPFVGSSEPTR RGTQLYTGTI CVWSVL 106

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 468

10 (A) LÄNGE: 164 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 468:

25 ISTKQTTTHRL SQCKVESPDV SDYCLQMDTR SPESSDYTLE KPKEPLPPPL PQARPQSGAF 60  
PYPASRPGTV REEPAGSRWP EGLSQSYRGR IKRAPLLPPQ PCCESCAGIN LRNSPEAETG120  
LMPWERSECE PMAPSLLGTN LPKYVKAEGD RDLAEGRKSF SSRN 164

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 469

(A) LÄNGE: 108 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
35 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 469:

EIRGRPPLFM PPLSCVDEFL QNRPHDTPS VKLSPPTCRT TAYKWHVPO RAQIIPSRSP 60  
KNPCRLPFFK PGPRVGRFHT PPQGLVQSGK NQQAHAQORA SLSPTTEA 108

50

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 470

WO 99/55858

- (A) LÄNGE: 317 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 470:

NMVDDYYEVLG VQRHASPEDI KKAYRKLALK WHPDKNPENK EEAERKFKQV AEAYEVLSDA 60  
KKRDIYDKYG KEGLNGGGGG GSHFDSPFEE GFTFRNPDDV FREFFGGRDP FSFDFFEDPF120  
EDFFGNRRGP RGSRSRGTGS FFSAFSGFPS FGSGFSSFD T GFTSFGSLGH GGLTSFSSTS180  
FGGSGMGNFK SISTSTKMVN GRKITTKRIV ENGQERVEVE EDGQLKSLTI NGVADDDALA240  
EERMRRGQNA LPAQPAGLRP PKPPRPASLL RHAPHCLSEE EGEQDRPGAP GPWDPLGVRS300  
RIERRWQEEE AEAERGV 317

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 471

- (A) LÄNGE: 123 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 471:

SMPLVQLPSS FKLLSLLLLL PLATFFQSCC GRRGGPRARV PQVGPARPPP QRDSEARVSA 60  
ARQAGAASAG GGRQAGLAGR SGLSACAPQR GHRRRPHHLL LRTLTHLLQ LLLFLDRSRQ120  
FSL 123

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 472

- (A) LÄNGE: 105 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 472:

KIRSNQCLWS NFLPPSNSSL CFCFFLLPPS FNPAADAEGV PGP GCPRSVL LALLLRETVR 60  
RVSQQRGRPG RLRAEAGRL GWQGVLASPH ALLSEGIVVG HTIYC 105

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 473

(A) LÄNGE: 159 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 473:

IVSERSLRSL WTAHWALPEM DSRIPYDDYP VVFLPAYENP PAWIPPHERV HHPDYNNELT 60  
QFLPRTITLK KPPGAQLGFN IRGGKASQLG IFISKVIPDS DAHRAGLQEG DQVLAVNDVD120  
FQDIEHSKAV EILKTAREIS MRVRFFPYNY HRQKERTVH 159

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 474

(A) LÄNGE: 75 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 474:

5 PPTGRPPPPFF FFFFFFFFSIV FYFLGERLGG GRGENSVSLE SQKCMNLLVV QGWDKMAREV60  
 RWKIPKILFA TDFYN 75

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 475

10 (A) LÄNGE: 97 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF  
 (iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 475:

25 LGGLSSSDVK SQLSSRRLQ CDGSGQKLGG LIVVVRVVYP LMRRNPCWRI LIGRQENHRV60  
 VIIRNPAVHL GQGPVGSPQR PQTPLTDNSV WEPEADA 97

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 476

30 (A) LÄNGE: 274 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF  
 (iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 476:

45 GHLWRPAGGR LPRHHDQVCR AAEPHRGGGL CGHQRRLPHR PRVQEGWGGLC PHESLHQVPA 60  
 DRPWHEPGAG CAADCEPHR RPGACEPGAP PAARAAGLGR GTRHGNGDIL SFEDANRAMQ120  
 TGVGTGIMIAR GALLKPWLF EIKEQRHWDI SSSERLDILR DFTNYGLEHW GSDTQGV EKT180  
 50 RRFLLEWLSF LCRYDPVGLL ERLPQRINER PPYYLGRDYL ETLMASQKAA DWIRISEMLL240  
 GPVPPTSPSC RSTRPRTSS LRLSQGHPGA RRVQ 274

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 477

(A) LÄNGE: 256 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 477:

AGPAPVQPGP HTRCRCPRGH GSRGRSQAGK LWCPAGPRRP GTSTPPSSPV RTCGPLTDED 60  
 VVRLRPCEKK RLDIRGKLYL APLTTCGNLP FRRICKRFGA DVTCGEMAVC TNLLQGQMSE120  
 WALLKRHQCE DIFGVQLEGA FPDMTKCAE LLSRTVEVDF VDINVGCPID LVYKKGCGCA180  
 LMNRSTKFQQ IVRGMNQVLD VPLTVKIRTG VQERVNLAHR LLPELRDWGV ALVTEMGTS240  
 HLRMPTAPCR LVSPGS 256

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 478

(A) LÄNGE: 165 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 478:

NLLYSRPRV PLGKPEATCT RWPCASARRR GGGHWPKEHL ADADPVGCLL AGHQRLQVVA 60  
 AQVVGRLVD PLWEPLQQPH GIVPAQEGQP LEQKAPGLLH ALRVRAVLQ AVVGEVPQDV120  
 QALGRRDVPV PLLLDLREEP RLEQGATGNH DPGDTS LHGA VGILK 165

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 479

(A) LÄNGE: 262 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein

WO 99/55858

PCT/DE99/01258

- (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 479:

15 GSPMSPARAM QTLFVPEHGD HGAGVCSDDH HRGGHVPAEP LQAVCTVLHQ PAQPGAEERR 60  
CPVLRMPVA SETQCQATES QSRSLTPRLG PPTAWPCALR PAERFPPLPA QCLLHVQLQT120  
LFVPEHGDHG AGVCSDDHHR GGHVPAEPLQ AVCTVLHQPA QPGAEERRCP VLRRMPVALG180  
EHSVRQRNPR AAGLRPASAH RPPGRAALRP AGALPPLPAH LSVPAARDRP AAHHLAVRRG240  
20 GAPTLPGLD LQGSGRGGV GN 262

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 480

(A) LÄNGE: 270 Aminosäuren

25

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

35

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 480:

40 AAQCLLVQC KRSLFQSMEI TELEFVQIII IVVVTCLLSH YKLSARFIS RHSQRRRED 60  
ALSSEGCLWP RRHSVRQRNP RAAVLRPASA HRPPGRAPFA QRSVFHRCQP NVSCTCNCKR120  
SLFQSMEITE LEFVQIIIIV VVTCLLSHYK LSARSFISRH SQRRREDAL SSEGCLWPSE180  
STVSGNGIPE PQVYAPPRPT DRLAVPPFAQ RERFHRFQPT YPYLQHEIDL PPTISLSDGE240  
45 EPPPYQGPWT FKVRDPEEL EIERGLGAET 270

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 481

(A) LÄNGE: 124 Aminosäuren

50

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 481:

ATTSC LHGPS SAGTARGGGE KMPCPQKDAC GPRRAQCQAT ESQSRRSTPR LGPPTAWPCR 60  
PSPSGSASTA SSPPIRTCST RSTCRPFPSRC QTGRSPHPTR APGPSRFGTP RRSWKLNGDW120  
VRRP 124

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 482

(A) LÄNGE: 99 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

20

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 482:

RVLVSPLSLS MWRWKVEKDT VSILKLLRFS ERGRHLNRQV GFSVLSALGI WREMGLLSLC60  
TOEGHALKTV FVDQRRLYST GGIQMSLRGR EETWQADYI 99

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 483

(A) LÄNGE: 104 Aminosäuren

40

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 483:

5 VLEEEKKHGK QITSEPFELC FSFFPCLFSK IYLNLETQDI FLGNLLPMSE VASAASRQIP 60  
 GNPEPQNVIP PGSAWPDVPL SAGFTYQSHS SFSINTPKSS PNHH 104

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 484

10 (A) LÄNGE: 123 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 484:

25 KLDSTQCRPS LHTNMYVLLS ECHLLCTQCH DSKIKISVSN QNINQARNSW AQRGVRGLSY 60  
 TAVKQPTCSA HSQAESDWSC RQRGGGRVLC CPLL CMVSWV FQGGQLLSPN KTVNSLRTGP120  
 LPH 123

30

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 485

35 (A) LÄNGE: 303 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 485:

50 LGRKPSWVGG AGLEPSQSG LSHHPAPQSD SAPTSPPIPG EPGPQREVDK WGGSLGRPES 60  
 SGHPGRTPAT CCHCAVMAR SGSATPPARA PGAPPRSPPQ RLVQDVSGPL RELRPRLCHL120  
 RKGPQGYGFN LHSDKSRPGQ YIRSVDPGSP AARSGLRAQD RLIEVNGQNV EGLRHAEVVA180  
 SIKAREDEAR LLVVDPETDE HFKRLRVTP TEEHVEGPLPS PVTNGTSPAQ LNNGSACSSR240  
 SDLPKSDKDT EDGSAWKQDP FQESGLHLSP TAAEAKKAR AMRVNKRAPQ MDWNRKREIF300  
 SNF 303

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 486

(A) LÄNGE: 149 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 486:

APRRPRPRRR LEPCESTSR HRWTGTGSVK SSATSEPLPA CLGTLGPLPH GPWASACPEL 60  
PQPQWTGGWS CHCPEISPSP GEPPSCPCPP GTGGLWQQDR GRETQRCERE SETETERERE120  
RHRERQRESE RARGSRGARA FAALPGPAD 149

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 487

(A) LÄNGE: 217 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 487:

FLGNRRTTLQ STEAGGARGR LRPKVRAGGV PGSRDQEGA QKLLKISRFL FQSICGARLL 60  
TRMARAFSLA SAAVGLRWRP LSWKGSCFQA LPSSVSLSEP GRSLRDEHAE PPLSWAGLVP120  
LVTGDGRGPS TCSSVGVTRS RLKCSSVSGS TTSSRASSSR ALMLATTS AW RSPSTFCPFT180  
SMRSWARRP ERAAGEPGST ERMYPGRDL SLCRLNP 217

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 488

(A) LÄNGE: 298 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 488:

15 EIRAVGGGVC VDMGTPGEG LGRCSHALIR GVPESLASGE GAGAGLPALD LAKAQREHGV 60  
 LGGKLRQRLG LQLELPPEE SLPLGPLLGD TAVIQGDTAL ITRPWSPARR PEVDGVRKAL120  
 QDLGLRIVEI GDENATLDGT DVLFTGREFF VGLSKWTNHR GAEIVADTFR DFAVSTVPVS180  
 GPSHLRGLCG MGGPRTVVAG SSDAAQKAVR AMAVLTDHPY ASLTLPDDAA ADCLFLRPGL240  
 PGVPPFLLHR GGGDLPSQE ALQKLSDVTI VPVSCSELEK AGAGLSSLCL VLSTRPHS 298

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 489

(A) LÄNGE: 175 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

25 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 489:

40 AGHRYQGDIR ELLQCLLAVG QIPTSTVQEE RGHTRQPRTK KETVSSCVIW EGQGGIWVIC 60  
 QHCHCPDSSL GSVAACHNS ARSPHAAETA QVGGTRDWSH GDGEVPERVR HDLSSSVIGP120  
 FGEAYEKLPA GEENVSAIQR RVLVSYPHNS EPQVLQGFAD SIDLWPTSGA PGPRD 175

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 490

(A) LÄNGE: 150 Aminosäuren

45 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 490:

LGPCPLGSRP CRQAAVPAAM TPQVAVLAAV APVVASVYLP APRAPFELWP DPEREQPPH 60  
LPPTPGSLGL PGSGHGSSGP APPPASPSHP HRLPLQPLGF LSFLVSSPVSGHPSHSCRAV120  
ISAGAPPED RVGEGSPRL QASGTGSSGF 150

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 491

(A) LÄNGE: 89 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 491:

FVKRTKQPRQ TLDAPCSALR LWGRCLLGEA VAQGVHCEAG PVDSAGGIHL ASGCLVSVYS60  
DIAFCCHLSC GQRGVSWHEN IFFFKCGSF 89

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 492

(A) LÄNGE: 63 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 492:

LTHLLFEKCL LPSLGLITKF DHDHIVVSQS ALEIVSGLHE VAMGVWSTLK LYQSCTYFQT60  
FLK 63

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 493

(A) LÄNGE: 73 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 493:

DGSRMLCHYI QKQDNLKLNG CPLQSQVQVP HSARPELQPL PKGIFPTAST PSKEHQGFVS60  
 VVLFFLQTID IYS 73

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 494

(A) LÄNGE: 318 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 494:

KCATFWSFPR RQGGLGIAIS EEDTLSGVII KSLTEHGVAA TDGRLKVG DQ ILAVDDEIVV 60  
 GYPIEKFISL LKTAKMTVKL TIHAENPDSQ AVPSAAGAAS GEKKNSSQSL MVPQSGSPEP120  
 ESIRNTSRSS TPAIFASDPA TCPPIPGCET TIEISKGR TG LGLSIVGGSD TLLGAI IHE180  
 VYEEGAACKD GRLWAGDQIL EVNGIDLRKA THDEAINVLR QTPQVRVRLTL YRDEAPYKEE240  
 EVCDTLTIEL QKKPGKGLGL SIVGKRNDTG VEVSDIVKGG IADADGRMLQ GDQILMVNGE300  
 DVRNATQEAV AVWIKVFP 318

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 495

(A) LÄNGE: 206 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 495:

SAFAEMGSDH TQSSASKISQ DVDKEDEFGY SWKNIRERYG TLTGELHMIE LEKGHSGGLGL 60  
SLAGNKDRSR MSVFIVGIDP NGAAGKDGRL QIADELLEIN GQILYGRSHQ NASSIIKCAP120  
SKVKIIFIRN KDAVNQMAVC PGNAVEPLPS NSENLOQKET EPTVTTSDAV VDLSSFKNVQ180  
HSGASQGGRG VVWLLSAKKI HSVESS 206

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 496

(A) LÄNGE: 119 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 496:

TSWIIMAPSS VSEPPTMLRP SPVRPLEISM VVSQPGIMGQ VAGSEAKIAG VDDLLVFRMD 60  
SGSGEPDCGT IRDWELFFFS PLAAPAAEGT AWESGFSAWM VSFTVIFAVF RRLINFSIG 119

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 497

(A) LÄNGE: 71 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 497:

SAPSLTKCRS THVYPLSLIM FMSGGSSRST LRRMVPTPST TSLSPRSSSS TSKLLTQSGP60  
SLPQPPASRP F 71

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 498

(A) LÄNGE: 139 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 498:

SRSPACGASE HGDGAMSLIC SISNEVPEHP CVSPVSNHVV ERRLIEKYIA ENGTDPINNQ 60  
PLSEEQILIDI KVAHPPIPKP PSATSIPAIL KALQDEWDAV MLHSFTLRQS CRQPAKSCHT120  
LCTSTMPPAV SLPVSPRKL 139

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 499

(A) LÄNGE: 74 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 499:

TTGRERGCPR CAGLFYCFLE LMKLDHCLQN PAQALLPIPF TVSLVRRAMT RQAASCWYRA60

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 500

- 5 (A) LÄNGE: 71 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 500:

20 FSFFNETRSL LTKPCTSPPA HPLHSSLGSA SPVSQELQQN GCGTATTTSI ERQEGRGAVG60  
 LVQGFIVFF F 71

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 501

- 25 (A) LÄNGE: 284 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 501:

45 EARGLATRTR SGAAAHAGDR FTDADDVAIL TYVKENARSP SSVTGNALWK AMEKSSLTQH 60  
 SWQSLKDRYL KHLRGQEHKY LLGDAPVSPS SQKLKRKAE DPEAADSGEP QNKRTPDLP120  
 EEYVKEEIQE NEEAVKMLV EATREFEEVV VDESPPDFEI HITMCDDDP TPEEDSETQP180  
 DEEEEEEEK VSQPEVGAAI KIIRQLMEKF NLDLSTVTQA FLKNSGELEA TSAFLASGQR240  
 ADGYPIWSRQ DDIDLQKDE DTREALVKKF GAQNVARRIE FRKK 284

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 502

- 50 (A) LÄNGE: 123 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 502:

ETFSSSSSSS SSGCVSESSS GVGGSSSHIV ICISKSGGLS STTTSSNSRV ASTSIFLTAS 60  
SFSWISSFTY SSSGKSGVLL FCGSPLSAAS GSSSAFRLSF WEEGLTGASP SRYLCSWP RR120  
CLR 123

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 503

(A) LÄNGE: 175 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 503:

VFLRCGWIII THSYMYFKIR RALIHNNLLK LPGGFHKHLF DCFFILLDFF LHILFFRQIW 60  
SSLILWFP AI RGLRVLLRLP LELLGGGAHR RVPQQVLMML APQVLEVAVL QGLPRVLRER120  
ALLHRFPQGV TGDGAGRAGI FLHVKG DGYV VRIREAIARV RCRSAPRARR QAPGF 175

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 504

(A) LÄNGE: 78 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 504:

CPPEKSLQMF QPLSSPDSHR KGTGFLGIV FSLTFFKRRM WPLAFGSGMG LGMAYSNCQH60  
DFQAPYLLHG KYVKEQEQ 78

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 505

(A) LÄNGE: 95 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 504:

SKTSTLPVAI WTRQRLEHLQ GFLGWTSITR ILSSRPHPD TGPTSCRAFT QTCSPPPA60  
FLSAGPRAPT PESLARAGNK SQVRKAGADA PDIAR 95

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 506

(A) LÄNGE: 156 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 506:

AIPNPMPEPK ANGHILLKK VSEKTI PNPK PVPFLWLSGL DRGWNICRDF SGGHQLPGFY 60  
LHDIRIQTPV PLPAELRLRH VPHFRLQLSS RPAPALRPLK VSRELETSR SGRQAQTLQI120  
SRDDPLLPSL PVFSVGRQGD AVVWRLEVTL TLGCAY 156

50

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 507

(A) LÄNGE: 169 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 507:

AASGMLGSWP ARTFHPGACV SRRPSAPWKH TASGKDSPDL RFSEHGVSQE FWAGGLVAVL 60  
EMTPSPSPWG TQEGPAGMCS LWVVGWCPGR GAGVRDLVLV HAGVWCKHVC AVQRDACGES120  
RTPAPPRKGG AVTSVLCLFL IKTFPLFSYK FASCKQVHKD PPLVKSGFE 169

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 508

(A) LÄNGE: 155 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 508:

TQNTGNRSFAF PGWRWCAALS TRVSLYSTYM FTPHTCVDEH QITHPSSTTG TPADYPQAAH 60  
SGRALLGAPR GGARGHLQHC HQAASPEFLG NTVLGKPKVR AVLPRGRVLP GCGGPAADTG120  
PRVEGPGRPA SKHARRSLGE PGSVASSLLS LRSPI 155

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 509

(A) LÄNGE: 148 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 509:

15 ENRGNVLIKN KHKTLVTAPP FLGGAGVRLS PHASLCTAHT CLHHTPAWTS TRSRTPAPRQ 60  
GHQPTTHRLH IPAGPSWVPH GEGLGVISST ATRPPAQNSW ETPCSENRRS GLSFPEAVCF120  
QGAEGRRLTQ APGWKVLAGQ LPSMPDAA 148

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 510

20 (A) LÄNGE: 75 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 510:

35 NAYISGYERD FMTIQSNITL ADRETEVFHD LPSLPASLRQ NWIPTLVFFL PFTSFSLLYN60  
VLRDQNSHQN RLFLR 75

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 511

40 (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 511:

5

FRDTEGLLAL MTFWMGLQLM TILILEERTL LIFSPIALLR RSTSYSESLH IPLVFLQAPE60  
PLVQMLY 67

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 512

(A) LÄNGE: 101 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 512:

IFFFFFFFF PLRHLFNNCR NPKELASNLE VVSEAAGWLD WAQPLSCLNR PRNGIMMTMR 60  
TSILSSSHCV YYVFSFNKAF VPMALGLGGR LKECVVILSK M 101

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 513

35

(A) LÄNGE: 179 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 513:

50

FGTMGGISDP DTLHIWKTNS LPLRFVWNIL KNPQFVFDID KTDHIDACLS VIAQAFIDAC 60  
SISDLQLGKD SPTNKLLYAK EIPEYRKIVQ RYYKQIQDMT PLSEQEMNAH LAEESRKYQN120

EFNTNVAMAE IYKYAKRYRP QIMAALEANP TARRTQLQHK FEQVVALMED NIYECYSEA 179

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 514

- 5 (A) LÄNGE: 179 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 514:

20

DRGAPALTPG HLHPLPPVPR SVSGMEAREL VRLPHLPSTA CTVPTHLLHN VQLVLLPRAP 60  
CIQAAKHKLG ERRPPARRLQ PRNSTSSTLV QGALLELTFD WFLQLPKCY LHFPLTRRGS120  
WPQTVSSSVR FLLLGRLLE WVPAPWGAL WASPGAGRVE GRDGGHRSWE PRLQEKERG 179

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 515

- (A) LÄNGE: 200 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
30 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 515:

SGDRWEGMEV PRGQGGGAPV SESSPSSCPR PSRLCSVFPS LSHRHGVEDQ VEAQWASISP 60  
SSSLTNSPCV SGLTVALVDV VLHQSHHLLK LVLQLCPPGR GVGLQRGHD L RPIPLGVLIN120  
45 LCHGHIGVEL ILVFPRLGQ MGIHLLAER RHVLDLLVVA LHDLPVLRNL LGVEELVGWR180  
ILAQLQVRDG AGVDEGLRDD 200

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 516

50

- (A) LÄNGE: 157 Aminosäuren

(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 516:

15

TSMEALLFRL FKLPAATLRC IGLRRPLVTH TLRRKCEHKA SRLCHGGCCC TLEPCVGRHR 60  
DWDLERGKSS AKTGGELHGR RTAAARGGSE RPVLGHRRRD PDAGGLRGQD GEALQHRGWH120  
IPGSETLPGR GGHVPWPRPG RRHPHMC GF WDSQSLA 157

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 517

(A) LÄNGE: 401 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
25 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 517:

40

RTRCAGSVNT KPPGFVMAAA AARWNHVWVG TETGILKGVN LQRKQANFT AGGQPRREEA 60  
VSALCWGTGG ETQMLVGCAD RTVKHFSTED GIFQGQRHCP GGEGMFRGLA QADGTLITCV120  
DSGILRVWHD KDKDTSSDPL LELRVGPGVC RMRQDPAHP VVATGGKENA LKIWDLQGSE180  
EPVFRANKVR NDWLDLRVPI WDQDIQFLPG SQKLVTCTGY HQVRVYDPAS PQRRPVLETT240  
YGEYPLTAMT LTPGGNSVIV GNTHGQLAEI DLRQGRLLGC LKGLAGSVRG LQCHPSKPLL300  
ASCGLDRLVR IHRIQNPRGL EHKVYLKSQL NCLLLSGRDN WEDEPQEPQE PNKVPLEDTE360  
TDELWASLEA AAKRKL SGL E QPQALQTRR RKKKRP GSTS P 401

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 518

(A) LÄNGE: 222 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
50 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 518:

SWEKLYVLVP DGNPQVQPI PHVLGPEHRF LRALQVPYLQ SILFPTCGNH MGVCWVLAHP 60  
THPRAHSQFQ EWVRGCVLVL VMPDSENPRI HTCDEGAVGL GEATEHALPA RAVSLTLEYA120  
ILGAEVLHRP VRAAHQHLGL AAGAPTQGAH CLLAPRLSSG REVRRLFSLK IYPFQDPSLG180  
15 ADPHMVPACS SSRHDKAWRL CVHTSGAACA SPAGVEVRCT AV 222

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 519

(A) LÄNGE: 86 Aminosäuren

20

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 519:

35

DPRPVSLTL ALLPRCHFLS SSVKYRLHIL SLNASTICVT PKDFWDFDET CEGEDTEKPV60  
ICKHLLLFPH HLWDISAVVS KWQIIN 86

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 520

40

(A) LÄNGE: 77 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 520:

5 ISSVNYHMTI QAQYKLGHCI LCGWISVAVF LTSPKKTSCR AELLVQAPDN DAPDFAFWGL60  
SLLLSHFLKL FAWPWHH 77

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 521

10 (A) LÄNGE: 71 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 521:

25 CGNKSCKLQI TGFSVSSPSQ VSSKSQKSLG VTQIVLALSD KMCSLYLTEE ERKWHLGSSA60  
RVSKETGLGS Q 71

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 528

30 (A) LÄNGE: 120 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 528:

45 LTYLFFFFFF FFLGRSLGFI RSVGTLFRSE APPSHGVGDS GGRGNPSEHP GGCVVSMYFA 60  
LPHLFHGVPC QQQALICGEG SKQRRRPFRG GERAAPRTP SPAHDIPEKE TKIKPRGLST120

50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 529

- (A) LÄNGE: 90 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 529:

PLLKGKKLSA ALTNLSFFFF FFFFGKKPW LYSLCGDTVP FRGPSQPWGG GQWWAWESQR60  
ASWRVRLHV FCSSPSFPWG PLPGSSTNMW 90

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 530

- (A) LÄNGE: 96 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 530:

NKAPGPFYVG APLKYGMVVG REAVAQQSLs PDYQLWGGFQ GARSRLGSSS HRHVGGGRKY60  
LQGGTVSEEQ DGRGFSACYG ILFKEMGVKP GTVAHA 96

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 531

- (A) LÄNGE: 497 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 531:

```

TPALVQRFRE GGSGAPEQAE CVELLLALGE PAEELCEEFL AHARGRLEKE LRNLEAELGP 60
SPPAPDVLEF TDHGGSGFVG GLCQVAAAYQ ELFAAQGPAG AEKLAAFARQ LGSRYFALVE120
10 RRLAQEQGGG DNSLLVRALD RFHRRLRAPG ALLAAAGLAD AATEIVERVA RERLGHHLQG180
LRAAFLGCLT DVRQALAAPR VAGKEGPGLA ELLANVASSI LSHIKASLAA VHLFTAKEVS240
FSNKPYFRGE FCSQGVREGL IVGFVHSMCQ TAQSFCDSPG EKGATPPAL LLLLSRLCLD300
YETATISYIL TLTDEQFLVQ DQFPVTPVST LCAEARETAR RLLTHYVKVQ GLVISQMLRK360
SVETRDWLST LEPRNVRAVM KRVVEDTTAI DVQVGLLYEE GVRKAQSSDS SKRTFSVYSS420
15 SRQQGRYAPS YTPSAPMDTN LLSNIQKLF S ERIDVFSPVE FNKVSFLTGI IKISLKTLAG480
SVCGLRTFLA LCGLQQG 497

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 532

(A) LÄNGE: 153 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 532:

```

CGSGWSWPHW PATRPGQGGP SQPREVLPA P GGRLSGSPGR PPGDPAGGGP GARGPLVPRS 60
PWQRLRARQR PAGPREPASA GGSGPAPAPA VSCHHHPAPA PAAAPPAQNS GCPAAGRPP120
35 ASRHLLGPGP QTAPGRPPPP GRGRPRSHCL HGR 153

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 533

(A) LÄNGE: 221 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 533:

5 YDQALHLHV V GQQPPRRFPG LCTQRAHGRH WELILHQKLF ISESEDVGDG GRLVVQAEAG 60  
EQQEQGRWCG TPLLPRVAE ALSRLAHRVD EAHDEALTD TAEALTPEVG LVGEGHLFGG120  
EKVHCCQRGL NVAQDGAGHI GQQLGQARAL LPSHARCCQR LADVCQAAQE GRPETLQVVA180  
10 QALAGHSFHD LRGSVCEPGS GQQGPGSPQA PVEAVQRPHQ Q 221

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 534

(A) LÄNGE: 52 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

15 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 534:

30 PSILIPMP TP GFFSVMVR AK TGSTHRCSPA VYPLMRRIPC WRILIGRQET TG 52

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 535

(A) LÄNGE: 38 Aminosäuren

35 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

45 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 535:

50 AGKKPPASHH KESGCPSRPS PTGHSTPPSD PLTDNSVW 38

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 536

- (A) LÄNGE: 55 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 536:

SGCVPSHEED SMLEDHRQA RNHRLVIIRN PVVHLGQAPL ATPHRPQIRS LTIQS 55

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 537

- (A) LÄNGE: 113 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 537:

TRGPRKRLRR SGRGGGLRSW AGRERVLGTA LLGIYIVFPR IPGSGSEEAV TPYDRRLDS 60  
RNSPQAPAGQ STTSSSFCFC DGLESRLKH TVSIDCIRFV QKPGQLTESH FLA 113

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 538

- (A) LÄNGE: 101 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 538:

10 EPADSQARGR QCLLLHQQVQ GIWLKACIFP GHKLPEPLKW EARQFQTNLF STHHSTFKVC 60  
LLLLPVHPPS LQFFHSLTSE RVPGGSMVNK LTCMLQKKKK K 101

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 539

(A) LÄNGE: 198 Aminosäuren

15 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

25 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 539:

30 YSLCSQCVSA PLTLNRHRSR RKRKWIAQL EPGDCYDCLD LCGHRASQPP QTLSLECGGT 60  
QCRFPGGSLP RPSPCPPSSS GLLFYRFFLV SFLGLLFTEG TAALGFLVTS ALLGSDGSAS120  
ASWDLGMGT MASTQMSWK APRKSPYRSR FSRKVGSGTS GGEKSRSEAM AQVACCLTSL180  
LTHHSLEPTP APPRRSPR 198

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 540

(A) LÄNGE: 147 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

40 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 540:

KKNSSALIFL EEAADFGCQI SLRNGHFLRC FFLTESVDKL IKRLSHFKIT PKSSSTVFFF 60  
 FSFCFKITNQ VRSPTSSSMN SFVTELLSVC SPHCALNTVS AAPVCPLFRK ESIFNTFTIC120  
 TPWNLHMLTS YYKPTHPLS SGTGHPL 147

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 541

- (A) LÄNGE: 138 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 541:

KNDRFPWTSI PGLKGALIKL FTEHVAEKHI YGLMPLLEA QSTPFQVTPS TMANIVKGLY 60  
 TLRPEWVQMA PTLFSKFIPN ILPPAVESEL SEYAAQDQKF QRELIQNGFT RGDQSRKRAG120  
 25 DELAYNSSSA CASSRGYR 138

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 542

30

- (A) LÄNGE: 179 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 542:

45

KACIPSDQSG FRWLQLYFLN LFQTFSLRRW NLNFLNMLLK IRNFKENLYR MVLQGVTPSG 60  
 RELGMSWLI ARQHVQVPGG TDSECEYAF LPEKRTHWSC RDCIQSTVGA AHTQELCHKA120  
 VHGRGCWTSY LVCNFKTKTK KKKNSAARLG GDFEMGQSFN EFIYRFCEEK ASQKVTISK 179

50

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 543

- (A) LÄNGE: 92 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 543:

IQFLEAAFAV FLHCMRFGNE CRNLLWAFTF LCQFGFYCLN LMLTWRGDGG QCCCGASSES60  
VCGELCCADV AVGGQVRGSA PSWKKSCLRV YV 92

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 544

- (A) LÄNGE: 99 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 544:

KPNWHRKVNA HSKFLHSFPN RIQCKKTAKA ASRNCIYWPL PEQQAAMPAP WPPELDACCA60  
DVLTLMRMLG YGSDSEEIHL SYSSLERSSC VFNMKHFIW 99

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 545

- (A) LÄNGE: 96 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 545:

QSQNTKVFVP IRIYTDPLTK VLLIMQFASS PSSWLGSSEPI WHDHIKRTPS DMISSKKVPS60  
LLPDHQRP HQ HNTTLRIQIH CWP HNSTVPH LLSRSA 96

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 546

(A) LÄNGE: 108 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 546:

GRDAGQSEPW LSTSGCCAWG GCAPGARGCW GPGPPSLGVG RKP GCRVSAS SVPERWIAWS 60  
PRPSEASATF RGAPKSILTA RLWASAWRPQ HRGSQNERPW SSSMKTSG 108

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 547

(A) LÄNGE: 117 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 547:

PGRRAKRAMA VYVGMLRLGR LCAGSSGVLG ARAALSRWQ EARLQGVRF L SSREVD RMVS 60  
TFIGGLSYVQ GCTKKHLNSK TVGQCLETTA QRPVEREALV VLHEDVRLTF AQLKEEW 117

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 548

- (A) LÄNGE: 117 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 548:

PLLLELGKGQ PDVFMEDDQG LSFWDPLCCG LQALAHSLAV KMLFGAPLNV AEASDGRGDH 60  
AIHLSGTEEA DTLQPGFLPT PREGGPGPQH PRAPGAQPPQ AQHPDVDSHG SLCPASR 117

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 549

- (A) LÄNGE: 68 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 549:

RLSGPAANPR GAAGWRAAGA QELGMSYKPM RPWLPSSTPW SARHPLGPGA PRFPDREACA60  
CAVRGCSV 68

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 550

- (A) LÄNGE: 68 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 550:

10 GHCSPARRTR TPPCQGTGVP RAPGGAWQTR GCCWAARGAW VCRTSPTPGR QRHASRPLL60  
GWLGRSA 68

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 551

15 (A) LÄNGE: 68 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 551:

30 DTAAPHGARA RLPVREPGCP GPQGVPRPG GAAGQPGAHG FVGHPQLLGA SGTPAGRSSG60  
VCGGAAQP 68

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 552

35 (A) LÄNGE: 32 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 552:

50 SPISITETQQ FSNLIHTIT CLLRMALYLF SL 32

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 553

- (A) LÄNGE: 33 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 553:

ITLQPISQNM FLLLNNNTQLF YLCVLFMPDH QYQ

33

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 554

- (A) LÄNGE: 43 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 554:

SFYFGWSHYN ENKYNAILNR QVMVCIKLLL NCCVSVIDIG DQA

43

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 555

- (A) LÄNGE: 85 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 555:

10 CFTHWNVFPRLWMTSFLMERVQEGWKTPGFKLSIPHMGFSIIFRPEAARP EVRLHLSALF60  
VLLLATLGFL LGTMC GCGMC EQKGG 85

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 556

15 (A) LÄNGE: 106 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 556:

30 FNDGKTWQLK KTLVTNGGFL LFFPHPPFCS HMPQPHMVPS RNPKVARSSST KRADKCRRTS 60  
GRAASGLKMI EKPMWGMLSL NPGVFHPSWT LSIRKEVIHN RGKTFQ 106

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 557

35 (A) LÄNGE: 109 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 557:

50 NINYIEIIFL FLLISPLGP HRLSPAQLAQ LAQLAHSPQV SRRHRALTMV GWHGVSNVAN 60  
SSHHPHPHSP SQRPLVVGPA VFQKGLTCTN LRQTYAPFSV SLASPSWED 109

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 558

(A) LÄNGE: 50 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 558:

LGIFVAYRNQ LGVPSLMRCS WKAIYARGGF TFVAPPFIDP SAFKKLECEN

50

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 559

(A) LÄNGE: 44 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 559:

FRLPFLTWHF CSLQEPWCT FSYEMQLESH LCKRWFHFCR SSIH

44

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 560

(A) LÄNGE: 45 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 560:

10 RVNEWRSDKS ETTSCINGFP AASHKRRYTK LVPVSYKNAK LRMGV

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 561

(A) LÄNGE: 34 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 561:

30 MRSRLPCEGL VARHPREL RV PSVREWIDWP WVL T

34

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 562

(A) LÄNGE: 67 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 562:

50 VSTHGQSIQK RTEGTRSSRG CRATSPSHGN RLLIQESFPQ NPPRARFQGH PLGRQSRQQP60  
FTEAMSQ

67

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 563

5 (A) LÄNGE: 50 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 563:

20 APMASQSRSA LRARVAHAGA VPPALHTAID SSFRNHFLKT HQGLGSKGTR 50

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 564

25 (A) LÄNGE: 54 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 564:

40 YSIIFEQFFK CKSVSYSECV SEVIKDISQR YWPISLCNQR NSVSRLLLCV ICGS 54

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 565

45 (A) LÄNGE: 57 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 565:

CTMVNV DNTV SFLSSFLNVN LYLTQSVCLK LLRTFPNVTG PFPFVIRGIL FQDYCCV

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 566

(A) LÄNGE: 49 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 566:

EKCQPHSLIL LWPFFILIK SHRSHTTIIL KQNSSDYKGK WASNVGKCP

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 567

(A) LÄNGE: 94 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 567:

GEGRVWNPEG SKSRHWPDHP APWAPSPRQE QLFSIPSQTS SIFITMTFRE VSQASSRCPT60

IPSGGKRQEN SPRVPVMLLS PSQFRLSRTS YLQP

94

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 568

- 5 (A) LÄNGE: 89 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 568:

20

GLTLKKGTFP RGPEIQADPN LTPCSRTQAH RPLNSNPTSP PPPPTPDEFLI SWNAFQDWKS60  
 PQGSSEPILS PARISSMHPG HAFHISRNK 89

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 569

25

- (A) LÄNGE: 89 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 569:

40

DVLDLSLNWDG ESSMTGTRGE FSCLEFPPEGI VGHLELAWET SLKVIVIKIE LVWEGMENS60  
 SCLGLGAQGA GWSGQCLDLL PSGFHTRPS 89

45

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 570

- 50 (A) LÄNGE: 73 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 570:

KSIAHSVIGY FHDFKWFYEE TESSDDVEVL TLKKFKGDLA YRRQEYQVEF NIWCLKWALV60  
LSVMAYVNNS VPS 73

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 571

(A) LÄNGE: 40 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 571:

SADSQEIQRR PGLQTRVSG RIQHMVLEVG SCFISYGICK

40

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 572

(A) LÄNGE: 60 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

40

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 572:

NKSPLQAPYV E FYLILLSSV GQVSFEFLES QHFNIIATFC FFIKPLEIMK IAYYRVSYAF60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 573

- (A) LÄNGE: 318 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 573:

GNLSLES LCN LYNWRYKNLG NLPHVQLLPE FSTANAGLLY DFQLINVEDF QGVGESEPNP 60  
YFYQNLGEAE YVVALFMYMC LLGYPADKIS ILTTYNGQKH LIRDIINRRC GNNPLIGRPN120  
KVTTVDRFQG QQNDYILLSL VRTRAVGHLR DVRRLLVVAMS RARLGLYIFA RVSLFQNCFE180  
LTPAFSQLTA RPLHLHIPT EFPPTTRKNG ERPSHEVQII KNMPQMANFV YNMYMHLIQT240  
THHYHQTL LQ LPPAMVEEGE EVQNQETELE TEEEAMTVQA DIIPSPTDTS CRQETPAFER300  
ESRPGGEGAI ALGGLGCF 318

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 574

- (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 574:

KTPKPPQRNC PFPTGAALTL KGWSFLTAAG VCWTGYDVSL NSHGLFFCFQ LCFLILNFLT60  
LFYHSRW 67

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 575

- (A) LÄNGE: 155 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 575:

SLMIMMCSLY QMHVHVYKV CHLGHIFYYL YFMRWSLSIL SSSWERFCWN YMOMKGASCE 60  
LTESWSQFKT VLEEGYSGED IKSKSGSRHG HYQATDIPQM AHCPGSYQRK KNIVILLTLK120  
SINSCHLVWS SNQWIVSTSS IDDVANKMLL AIICC 155

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 576

- (A) LÄNGE: 57 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 576:

DHLGFISTKM RTNHGVRKGS LEEHKNLKAL GGYHYIISYF HRSDLAKLCI LSLTTFI 57

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 577

- (A) LÄNGE: 48 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 577:

FKFFLMTIFL QNFERKMCSF CCILCKKTAN RGRRTLQIKT ILVSFPQR

48

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 578

(A) LÄNGE: 48 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 578:

LYFFKTLKEK CVLFAASFVR RLPTEEKGLY KLRPSWFHFK KDENKSWC

48

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 579

(A) LÄNGE: 48 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 579:

GSFPNTMICS HLCGNETKMV LICKVLFPLL AVFLQRMQQK EHIFLSKF

48

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 580

- (A) LÄNGE: 48 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 580:

HCRIHQGLSP LVGREKTTQV MRNFYSFQEL EEQLLIKFA LVTKYFYS

48

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 581

- (A) LÄNGE: 59 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 581:

IMPRAPLYRI PLNCNYVLLK SQLVKEELMV SVFVGNTCNT AEFYKGFLW WAGKKPLKS 59

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 582

- (A) LÄNGE: 44 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 582:

GTLRPRSSDV LPIYLCFTTC LLSLTPNIFT YFSNSACHKE AASP

44

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 583

10

(A) LÄNGE: 46 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 583:

NVDSCQTHSL ALIPPLLSSS DIVNNDKQLL CTECFMCCS HFIHMY

46

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 584

30

(A) LÄNGE: 41 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 584:

LYMCIKCEQH IKKHSVHSSC LSLLTISLLE RRGGIRARLC V

41

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 588

50

- (A) LÄNGE: 112 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 588:

GKPLVLHATP LSRCLPLHP TRSLILRPSL HLDPSFHHY LQRCSYYAPV YRGCPMTVP 60  
SQSNYSSGPK VLSRAPLPR RGRPFQALPG WNWCRSLGC IVRPGVGVAS LL 112

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 589

- (A) LÄNGE: 76 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 589:

GRSREAPAGW PKSTKPPSAR ENPWFSMPHL SPGALCLFTP QEALSYVLLS IYRTPVSITI60  
SRDVAIMRPS TGGARR 76

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 590

- (A) LÄNGE: 97 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 590:

AGLDQKEELR GVRQHQHQGV RYTRGSSDTS SSPEGLGMAC HAGAMERVKA KPWDPKSNLT60  
AKAPSSSGTP CRRAHNSYIS GDSDGNWGPI DGEKDVG 97

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 591

(A) LÄNGE: 63 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 591:

NGARLTSQPQ LYQRNHFIQI SQHFQRNTNV YGRVNIRSEN PLEEISVSMF IISAFRGLPV60  
WAK 63

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 592

(A) LÄNGE: 50 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 592:

NGSFGTVGAV MSTWLHKNP YEIFTVKFNY TCVTADFGGR QGLGLPFYLS

50

50

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 593

- (A) LÄNGE: 55 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 593:

AYLFIFLKGK NTFTFSSSPE AQTLLYLTTs QLTPLCDHQc GVVRLKDDSG HMTSL 55

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 594

- (A) LÄNGE: 41 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 594:

SGDVCTESHc GLSRVKEKEQ QELSLGRWRR GGIDQARPWP W 41

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 595

- (A) LÄNGE: 47 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 595:

FKVGLWKGDI VEGRAVLYT YKWYTPFIHG GQRSSDQVTY VQKVTVA

47

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 596

(A) LÄNGE: 44 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 596:

SVLTTSQRLS SHFKSQIPTR AKVLLDLFHP FSTSLSSTLA APSP

44

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 597:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 1651 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 597

```

5  GAGCTGCCAA GCAGCCCACC TCCTGGGCTT CCCGAAGTGG CCCCAGATGC AACCTCCACT 60
   GGCCTCCCTG ATACCCCCGC AGCTCCAGAA ACCAGCACCA ACTACCCAGT GGAGTGCACC 120
   GAGGGGTCTG CAGGCCCCCA GTCTCTCCCC TTGCTATTTC TGGAGCCGGT CAAAAACCCC 180
   TGCTCTGTCA AAGACCAGAC GCCACTCCAA CTTTCTGTAG AAGATACCAC CTCTCCAAAT 240
   ACCAAGCCGT GCCCACCTAC TCCCACCACC CCAGAAACAT GGGGGGGGGG GGGGGGGGGG 300
   GCGCCGTCAT CTACTCCTTG TTCAGCTCAC CTGACCCCTT CCTCCCTGTT CCCTTCCTCC 360
   CTGGAATCAT CATCGGAACA GAAATTCTAT AACTTTGTGA TCCTCCACGC CAGGGCAGAC 420
   GAACACATCG CCCTGCGGGT TCGGGAGAAG CTGGAGGCCC TTGGCGTGCC CGACGGGGCC 480
10 ACCTTCTGCG AGGATTTCCA GGTGCCGGGG CGCGGGGAGC TGAGCTGCCT GCAGGACGCC 540
   ATAGACCACT CAGCTTTCAT CATCCTACTT CTCACCTCCA ACTTCGACTG TCGCCTGAGC 600
   CTGCACCAGG TGAACCAAGC CATGATGAGC AACCTCACGC GACAGGGGTC GCCAGACTGT 660
   GTCATCCCTT TCCTGCCCCT GGAGAGCTCC CCGGCCCAGC TCAGCTCCGA CACGGCCAGC 720
   CTGCTCTCCG GGCTGGTGCG GCTGGACGAA CACTCCAGA TCTTCGCCAG GAAGGTGGCC 780
15 AACACCTTCA AGCCCCACAG GCTTCAGGCC CGAAAGGCCA TGTGGAGGAA GGAACAGGAC 840
   ACCCGAGCCC TGCGGGAACA GAGCCAACAC CTGGACGGTG AGCGGATGCA GCGGCGGCA 900
   CTGAACGCAG CCTACTCAGC CTACCTCCAG AGTACTTGT CCTACCAGGC ACAGATGGAG 960
   CAGCTCCAGG TGGCTTTTGG GAGCCACATG TCATTTGGGA CTGGGGCGCC CTATGGGGTC 1020
   AGAATGCCCT TTGGGGGCCA GGGGCCCTTG GGAGCCCCGC CACCCTTTCC CACTTGGCCG 1080
20 GGGTGCCCGC AGCCGCCACC CCTGCACGCA TGGCAGGCTG GCACCCCCCC ACCGCCCTCC 1140
   CCACAGCCAG CAGCCTTTCC ACAGTCACTG CCCTTCCCGC AGTCCCAGC CTTCCCTACG 1200
   GCCTCACCCG CACCCCTTCA GAGCCAGGG CTGCAACCCC TCATTATCCA CCACGCACAG 1260
   ATGGTACAGC TGGGGCTGAA CAACCACATG TGGAAACAGA GAGGGTCCCA GCGGCCGAG 1320
   GACAAGACGC AGGAGGCAGA ATGACCGCGT GTCTTGCCCT GACCACCTGG GGAACACCCC 1380
25 TGGACCCAGG CATCGGCCAG GACCCCATAG AGCACCCCG TCTGCCCTGT GCCCTGTGGA 1440
   CAGTGAAGA TGAGGTCATC TGCCACTTTC AGGACATTGT CCGGGAGCCC TTCATTTAGG 1500
   ACAAACGGG CGCGATGATG CCCTGGCTTT CAGGGTGGTC AGAACTGGAT ACGGTGTTTA 1560
   CAATTCCAAT CTCTCTATTT CTGGGTGAAG GGTCTTGGTG GTGGGGGTAT TGCTACGGTC 1620
   TTTTAATTAT AATAAATATT TATTGAATGC T 1651
30

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 598:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 35 (A) LÄNGE: 3304 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

50

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 598

55

```

AAACCCTCTT GGCTGTCTGC TGTCCAGGGA GTCGCCACTC CCTTCATTAT AGCCTTGCTC 60
AGAGTGCAGC GGCAGGCCTG GGGATGGCCT CGGGAGAGGG ACCACAGAGC ACCAGCCTGC 120
ATGGAACCTC CTTCCCTACT CAGCTTCCCA CGTTGCCAGC TGGGACAGGG GAGATGGAGT 180

```

AATTTTGGCTG TGGAAAGACT TCACGTCTTG CCGAATGAAA GTCCCGCCTG TCTGTCACGC 240  
 TGATGCCCCG GCAGCTGTCT GAGCACCCGG AATGGAATGA GTCTATGCAC TCCCTCCGGA 300  
 TCAGTGTGGG GGGCCTTCCT GTGCTGGCGT CCATGACCAA GGCCGCGGAC CCCCCTTCC 360  
 GCCCCCGCTG GAAGGTGATC CTGACGTTCT TTGTGGGTGC TGCCATCCTC TGGCTGCTCT 420  
 5 GCTCCCACCG CCCGGCCCCC GGCAGGCCCC CCACCCACAA TGCACACAAC TGGAGGCTCG 480  
 GCCAGGCGCC CGCCAACCTG TACAATGACA CCTACCCCT GTCTCCCCCA CAAAGGACAC 540  
 CGGCTGGGAT TCGGTATCGA ATCGCAGTTA TCGCAGACCT GGACACAGAG CCAACCGCCC 600  
 AAGACGAAAA CACCTGGCGC AGCGACCTGA AAAAGGGCTA CCTGACCTG TCAGACAGTG 660  
 GGGACAAGGT GGCCTGGGAA TGGGACAAAG ACCATGGGGT CCTGGAGTCC CACCTGGCGG 720  
 10 AGAAGGGGAG AGGCATGGAG CTATCCGACC TGATTGTTTT CAATGGGAAA CTCTACTCCG 780  
 TGGATGACCG GACGGGGTCT GTCTACCAGA TCGAAGGCAG CAAAGCCGTG CCCTGGGTGA 840  
 TTCTGTCCGA CGGCGACGGC ACCGTGGAGA AAGGCTTCAA GGCCGAATGG CTGGCAGTGA 900  
 AGGACGAGCG TCTGTACGTG GCGGCGCTGG GCAAGGAGTG GACGACCACT ACGGGTGATG 960  
 TGGTGAACGA GAACCCGGAG TGGGTGAAGG TGGTGGGCTA CAAGGGCAGC GTGGACCACG1020  
 15 AGAACTGGGT GTCCAACCTA AACGCCCTGC GGGCTGCTGC CGGCATCCAG CCGCCAGCTA1080  
 ACCTCATCCA TGAGTCTGCC TGCTGGAGTG ACACGCTGCA GCGCTGGTTC TTCCTGCCGC1140  
 GCCGCGCCAG CCAGGAGCGC TACAGCGAGA AGGACGACGA GCGCAAGGGC GCCAACCTGC1200  
 TGCTGAGCGC CTCCCTGAC TTCGGCGACA TCGCTGTGAG CCACGTCGGG GCGGTGGTCC1260  
 CCACTCACGG CTTCTCGTCC TTCAAGTTCA TCCCAACAC CGACGACCAG ATCATTGTGG1320  
 20 CCCTCAAATC CGAGGAGGAC AGCGCGAGAG TCGCCTCCTA CATCATGGCC TTCACGCTGG1380  
 ACGGGCGCTT CCTGTGCGG GAGACCAAGA TCGGAAGCGT GAAATACGAA GGCATCGAGT1440  
 TCATTTAACT CAAAACGGAA AACTGAGCA AGGCCATCAG GACTCAGCTT TTATAAAAAC1500  
 AAGAGGAGTG CACTTTTGTT TTGTTTGTT CTTTGTGAA CTGTGCCTGG GTTGGAGGTC1560  
 TGGACAGGGA GCGGAGTCCC GGGCCCCATA GTGGTGCGGG CACTGGACCC CCGGGCCCCA1620  
 25 CGGAGGCCGC GGTCTGAAC GCTTTCCATG CTGCCATCTG GTGGTGATTT CGGTCACTTC1680  
 AGGCATTGAC TCAAGGCCCTG CCTAAGTGGC TGGGTGCTTT CTCCATCCG ACCTCGTTTC1740  
 TTTTCTTTCC TATGTTCTTT TGTTCACTGA ATATCCCTAG AGCTCCTACC ATATGTCAGG1800  
 CCCTATGCCT CACCCTGAGA ACGCAGTGAG CATGAGGTGG ACCTGTTTGC TGGGAACCCC1860  
 AGGTACCCCC CTTTTCTTCC CAAACTTGGT GCCTTGGAAG AATCAGGTCC AGCCCTGAAG1920  
 30 ATCCTTGGGG AAGAAAAATG TTATGTTGCA GGGTATTGCA TGGTCACGAG TGAGGGGCAG1980  
 GCCCCCTGGG GACACATCTG CCCACAGCTG CACAGGCCAG GGGCAGAGC ACATCTGTTG2040  
 GTTCTCAGGC CTCAGATAAA ACCATCTCCG CATCATATGG CCAGTGACCG CTTTCTCCCT2100  
 TCAAGAAAAAT TCTGTGGCTG TGCAGTACTT TGAAGTTTAA ATTATTAACC TGCTTTAATT2160  
 AAAGCAGTTT CCTTCTTAT AAAGTGGAA CACCAAATCT TATCACACAG AGCACAGTCC2220  
 35 TGATGTTACC CAGCCCGCTC CAGCAGTGGC GGAGATTGTA AGGAAGCGGT GCGGCTGGT2280  
 GAAGCAAGTC TCACATGTCG GCGTTCTTGG CCAATGGATA CAAAGATAAA GAAATGTTG2340  
 CCTTTTCTTA GGAAGTGTCA GAAATCCTCA TGCCTTTCAA GACTTCTGTG AATGACTTGA2400  
 ATTTTTTATT CCCTGCCTAG GGTCTGTGAA CGAGGCCTGT CTCTTCCCTG GGGTTTCTTT2460  
 CCATGGCCTT TATTTCTCCT CTTCCAGTGG GAGTTTTGCA GGCTCTTCTC TGTGGAACT2520  
 40 TCACGAGCGT TGGCTGGGCC TCGGCTTCGC TGGAGTGATC TCCAGGGTGA AGGCAGAGTG2580  
 GGATTTGAGA CCCAGGTTAG GCACGACCCA GGCTGAGAAG GGACGTTTCC ATCATTCACA2640  
 GTGCCCTCCC CACAGCAACT ACCTCACCCC GACCCCAACC CTCACCTCCTA CCCCACCCCG2700  
 CGATCGTCAG GGGTGCCACG GTGGGCCGGA GGGTGCCGGC TCTGGCTGTC CCTGTGCCGG2760  
 TCCCTCACAA ACCTCTCCCC CTTTGAAACT CAAGCACAGC TGCGAGGAGG GCAGCGAGGA2820  
 45 GGGACCCCTC TCTCATGGTT GTCTCTTTCC CCCGCTATGT CATAGGTAGT GGAGGAAGCG2880  
 AAGGAAGTGA ACGCTGAATG TGACGCATTT CTGAAGAGCT CAGCTGTCAC CGGGCATAGC2940  
 CTGGAAGCCC CAAGTCTGTT CTGACTTTGC CTGGCTGTCT CCTTGACCCG CCTCCTAGAT3000  
 CATGTCTCTT GATGTCCAGG CTGGGTCAAT TAAAATAGAG ATGCAATCAG GAAGGTGGG3060  
 GGACTTGGGA CTGTGGCTGA ATTGAGACCT TGCTGATGTA TTCATGTCAG CACCTGAGTC3120  
 50 ACAGCCAGG TGCCCGGAAG CAGCCTCTTC GCATAGGCAG TGATTTGCGA TTAATTTAAA3180  
 GCTCACCTTT TTTCTTCCCC TCTCTGTTCC CTGCTGTCAG CATAATGATT GTGTTCTTC3240  
 CCTATGGGAT CCATCTGTTT TGTAAACAAT AAAGCGTCTG AGGGAGTGTA AAAAACAGAT3300  
 GGAT 3304

55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 599:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 878 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 599

```

GCGGCCGCGC CAGTCTCGCT TCATGACGCA GCCGGTGACC TTCGACGAGA TCCAGGAGGT 60
GGAGGAGGAG GGGGTGTCCC CCATGGAGGA GGAGAAGGCC AAGAAGTCGT TCCTGCAGAG120
CCTGGAGTGC CTGCGCCGCA GCACGCAGAG CCTGTCGCTG CAGCGGGAGC AGCTCAGCAG180
CTGCAAACTG AGGAACAGCC TGGACTCCAG CGACTCCGAC TCGGCCCTGT AAGGGGCGCC240
GCCCGCGGGG GGGACGCGCG CGTCCGCGGT CCGCGCGGGG ACCGCGTGT GAACCCCGAG300
AGTGCCCGCG CCCTGCTCCC GGGGGACCCG CAAGGACCCG GGACCGCCGC TCCTCGCGCG360
CTCGGACTCC CGCCCCGCTG CGAACCGGTC GGTGCGCCCC TCGCCGCGCT CGCCCTGGCC420
CGGGAGCGCC GGGAGCGGGG CCGCTTTCCT CGTCCTTGTA AATGTTTATT TTTTAACTCT480
TCCCAGTGCG AACTCTGCTG TGAGTGTGTG CGGGGAGGCG CGCCCGCGCT GAGTCGGCGG540
CGGGTAGCCA CTCCATGCCC TTGTCCGATG GTTTGCAACT CCGATTTTGC ACACCGCTCC600
ACCGTGCCCC CCAGCGCACA CCCATTACCA CTCACGCCAA CACTCTCGCT GAACACTTTT660
ATAATTGTTA GGCCTGGCCG TTGGGACTTT GGGCGCAGCG CGGCTGCTAC TCGCTCTGGA720
GGATTGATAT TTATTTTTCG ATTGCGATGG CTGAAGGCAT TTATTTAACG ATCTTTTAC780
CTGGATATGT CTGTGAGGCT CCTGAAAGGA GACAAATAAA GTCAATATAT TTGCACAGTG840
CAAAAAAAAA AAAGAAAGAA AAGAGAAGGT TCGAGAAA 878

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 600:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2760 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 600

```

5  CACCCAACCT GTGTTGTTGC CGCCCGGGCC TTNCCTCCAC AGNTCTNCTT NCTNCCGCCC 60
   GGCACCTTCTG TGGACCCCTT NTTAGTTCAC AGGCACGGNT GGGGCCGGTC TGTGCTGGCG 120
   NCTGCTGGCC ACTGAGGGAC AGGGACACGT GCCACCTGCT CATCTCTGCC CTGAGGTCAC 180
   CCCGTGGTCC CTCCACGTGC CCATCTCTCT GCAGTGCCCT CCTCGCCTGT GCAGCCCGCC 240
   CACCCACAGG CTCACCCCTC CTGCCGGCTG CCAGAGGCCC CCTCCAGCAG GGCCTCTCTC 300
   CGTNGCCCCA GCTTCACTCT CTCCCTCAGC ACCTGCCCTG CTGGAGGCCC CAGCCCTCCG 360
10  TGGACAGCAG GGGCCACGTG GAGCCCGGGC CGCTCACCCG CCACCCAGTG CTGGCCGCTT 420
   TCTTGGTGCC AAACCCCTT CCCCCACCA GAGACTGGGC AGCTGTGTCT GGTTCGTTCT 480
   TTGACTAAC CACATTGTG ATCTCTAGGG CAGGCTGGGG CTGCGGGCTG AGGGGGACCG 540
   CTGGCACCCC CCTTCCCTCC CTTCTTGGTT CCATTTCCAT CCATGACAGG TACAGCATCC 600
   CAGGAGCCCC GCCTGAGGGG CTGGACCCGA GCCGGCTGTG AACATCCCTC AGCCCTGTCT 660
15  GTCCCCCTT GGGACTAACC ACTAACCTCA CCCCCAACT CCACGGGTGC CCCTAGCTGG 720
   CCCAGAGCCG GCAGTGTGAG CCCAAGTCCG GGCTGGAGCC GAGGCCGGAG CAGCTGTCTG 780
   GGAGTCAAGG CTGCAGTAGC GTTCTTTCAT GGGGTGCTCC AGGGGGTGCC ACAGACCGAC 840
   AGGCAGCCCC AGGGCCTGGA CACCCCTCCC CAGGCAGGTG CTGCCCCAGG AGGACTGTCC 900
   TCGGGAATGA ACCTCCCGCG GGCTTTGGAC TGAGGTCCCT GTGGCCTCGG TCTCCTCCCC 960
20  ATGAAGTGGG AGCGAGGCTC CCCAATGGTG CTTTGGCTT TAGTGACGA TGTTTGCTGT1020
   GCTTCCCGCC GTGGAGGGCA GAGCCACCCC ACATCAGGAT CGGACGTGCT ACCCTCCCG1080
   GTCCCGGCCC TGGCCAGGCC AGCCAGCCCC TCGAGGCTCG ATGCCTGTGC CAAGGCCAGG1140
   GGCAGCCAGA GGGCAGCTGG ATGGCCACGT GCAGGGGTCA AGGCTGGGCC CTGCAGTGGG1200
   GCGGGCCGCC AGCCCCAGCA GTTTACAGAC GCATGGCTCT TCCTCCAGA GCAGCCGGCA1260
25  GCTACCTGGA CCGGAAATGT CCTCATCCCC TCCTGGGGC CAGGCTCTGC CCTGGCCTTC1320
   CTCTGTGAAC CCTCCTTTC TTTGTGCTGG TGTCTGGGAC CAAAAGGGG GAATATGGGA1380
   GGGCAGAGTG GGGAGGGGAG TCCATGGGCC TGGGGCCCCA AGCCGGGGCG TCTGAGCTCC1440
   CCAGGCATGA CCAAACCTCA GTGGAGGGGC CTCTGCTTCA GGCCCCGCCT GGCTGACATT1500
   CTGAGCCCCC CTCGGAGGCC CCGCCACAGC CAACCTGCCC AGTCTTTCCT CTGGGCTTGA1560
30  CCCGCCAGGG GAGTTCTCCA GGCTTAGGGC CAGGAGAGAG GCCCTGGCAC CCTGGCGTGG1620
   GTGCCCGCCA AACGCCCTGC ACCCTGCACA GAAGCACAAA TGCTGTCCAT GGCCGTGAGG1680
   CTGCCTGCCA GGTGAATGGA CATAGCGTGA GAGGCGGTGA GGCCAGGGCT TCCAGCCTCG1740
   TGCTGTCTCG GACTCTCTGA CCGTGGTGTG CGTGTGTGCC CGTCTGTGAC TTTCTACTCA1800
   CCAAGTTGA AGAAAGGAAA CGGGGAAAT CAAAAGGGGT TCAAACCCCA CCTCAGTAGG1860
35  TGGAGGGGAG CGCCTGCCAT TGGTTGTATT TTTGTCTGA GTTTTCGGTG CCGTGTTCCT1920
   AACTACTCCA TCCCATGACC TCGCCACACC TACTGGGGCA TCTGGCTGGT GCCTGCTGCC1980
   ATGGCCAGCC CCCACTTCTC ACCCTGCACA GGGGTCTTG CAGCCCCAGG GCCCAGGCC2040
   TCGTTGGGAG GACAGGGTGG CCCTGGGGAC AAGAGGGAGG AGCCAGGGG CTTACCTCAC2100
   TGAGAGTGCT CCCCAGCAGG CATCCACTAC CCCAGGGCCC CCCACATGTC ATGGCAAGGT2160
40  TGGTAGTGAA TGGGCCTGGT TGGGAGCAGC CCCTGGCCCA TTGCCACCC ACCCATCTCA2220
   CTATGCAATT CGAGTTCCAA GCAACATTTG CTCCTGCCCT GGGGCCAGCT CTGCCCCAGC2280
   CCTGAGAGGG GTGGTGAGGC AGCCCTCTGG ACCCCAGAAC CCCAGACAAG GGGGCAGGCG2340
   GGGGACCAGG GCCTCTCCTG TGGGATCTTT GTTTTGTGTT TAACCATAAT GGTGTGTAC2400
   TGAACCACTT CATATTGTT ATATATAATA TATATATATA TAATCTCCTT AAGACTCAGC2460
45  CTCCTGGTTT ACCCCCCCGG CCTGGGCATC TGACCTCCCC CACCCAGTG TGATTAAACA2520
   TCCAGGAACCT GAGGCCTGAA CCATTTTGCA TTTCCCTCTC CTCCAGCCTC TGTAGGGCCA2580
   TGGCTGTATG TACTGTCTGCT GTGTTTTTTT GTTTTTTTAG AACTGGGTTT GGGGGCTGAT2640
   TTTTATTTCT TTGGGGGCTT TTTTCTTGG CAAATACTAA AAATCTCGTC AATGTAATTT2700
   CTGTGGTTTC TATTAGCTT GGGTTTCATG TTTTAAATA AATTTTAAAA AGCAAAAAAA2760
50

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 601:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1021 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 601

```

15  GCGCGGGCCG CGAGAGCAGT AGGTGTTAGC AGCTTGGTCG CGACAGGGGC GCTAGGTAGA 60
    GCGCCGGGAC CTGTGACAGG GCTGGTAGCA GCGCAGAGGA AAGGCGGCTT TTAGCCAGGT 120
    ATTTCAAGTGT CTGTAGACAA GATGGAATCA TCTCCATTTA ATAGACGGCA ATGGACCTCA 180
    CTATCATTGA GGGTAACAGC CAAAGAACTT TCTCTTGTC AACAAGAACAA GTCATCGGCT 240
    ATTGTGGAAA TATTCTCCAA GTACCAGAAA GCAGCTGAAG AAACAAACAT GGAGAAGAAG 300
20  AGAAGTAACA CCGAAAATCT CTCCCAGCAC TTTAGAAAGG GGACCCTGAC TGTGTTAAAG 360
    AAGAAGTGGG AGAAGCCAGG GCTGGGAGCA GAGTCTCACA CAGACTCTCT ACGGAACAGC 420
    AGCACTGAGA TTAGGCACAG AGCAGACCAT CCTCCTGCTG AAGTGACAAG CCACGCTGCT 480
    TCTGGAGCCA AAGCTGACCA AGAAGAACAA ATCCACCCCA GATCTAGACT CAGGTCACCT 540
    CCTGAAGCCC TCGTTCAGGG TCGATATCCC CACATCAAGG ACGGTGAGGA TCTTAAAGAC 600
25  CACTCAACAG AAAGTAAAAA AATGGAATAT TGTCTAGGAG AATCCAGGCA TGAAGTAGAA 660
    AAATCAGAAA TCAGTGAAAA CACAGATGCT TCGGGCAAAA TAGAGAAATA TAATGTTCCG 720
    CTGAACAGGC TTAAGATGAT GTTTGAGAAA GGTGAACCAA CTCAAATAA GATTCTCCGG 780
    GCCCAAAGCC GAAGTGCAAG TGGAAGGAAG ATCTCTGAAA ACAGCTATTC TCTAGATGAC 840
    CTGGAAATAG GCCCAGGTCA GTTGTCATCT TCTACATTG ACTCGGAGAA AAATGAGAGT 900
30  AGACGAAATC TGGAATTCC ACGCCTCTCA GAAACCTCTA TAAAGGATCG AATGGCCAAG 960
    TACCAGGCAG CTGTGTCCAA ACAAAGCAGC TCACCGACTA TACCAATGAG CTGAAGCCAG 1020
    G

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 602:

35

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2889 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

40

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

50

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

55

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 602

```

GATCAGGCCT GTGGTCCAGC TCACTGCCAT TGAGATTCTA GCTTGGGGCT TAAGAAATAT 60
GAAAAACTTC CAGATGGCTT CTATCACATC CCCAGTCTT GTTGTGGAGT GTGGAGGAGA 120
5 AAGGGTGGAA TCGGTGGTGA TCAAAAACCT TAAGAAGACA CCCAACTTTC CAAGTTCTGT 180
TCTCTTCATG AAAGTGTTC TGTCCCAAGGA GGAATTGTAC ATGCCCCCAC TGGTGATCAA 240
GGTCATCGAC CACAGGCAGT TTGGGCGGAA GCCTGTCGTC GGCCAGTGCA CCATCGAGCG 300
CCTGGACCGC TTTCGCTGTG ACCCTTATGC AGGGAAAGAG GACATCGTCC CACAGCTCAA 360
AGCCTCCCTG CTGTCTGCCC CACCATGCCG GGACATCGTT ATCGAAATGG AAGACACCAA 420
10 ACCATTACTG GCTTCTAAGC TGACAGAAAA GGAGGAAGAA ATCGTGGACT GGTGGAGTAA 480
ATTTGATGCT TCCTCAGGGG AACATGAAAA ATGCGGACAG TATATTCAGA AAGGCTATTC 540
CAAGCTCAAG ATATATAATT GTGAAGTAGA AAATGTAGCA GAATTTGAGG GCCTGACAGA 600
CTTCTCAGAT ACGTTCAAGT TGTACCGAGG CAAGTCGGAT GAAAATGAAG ATCCTTCTGT 660
GGTTGGAGAG TTTAAGGGCT CTTTTCGGAT CTACCCTCTG CCGGATGACC CCAGCGTGCC 720
15 AGCCCCCTCC AGACAGTTTC GGAATTACC TGACAGCGTC CCACAGGAAT GCACGGTTAG 780
GATTTACTGT GTTCGAGGCT TAGAGCTCCA GCCCAGGAC AACAATGGCC TGTGTGACCC 840
TTACATAAAA ATAACACTGG GCAAAAAAGT CATTGAAGAC CGAGATCACT ACATTCCCAA 900
CACTCTCAAC CCAGTCTTTG GCAGGATGTA CGAACTGAGC TGCTACTTAC CTCAAGAAAA 960
AGACCTGAAA ATTTCTGTCT ATGATTATGA CACCTTTACC CGGGATGAAA AAGTAGGAGA 1020
20 AACAATTATT GATCTGGAAG ACCGATTCCCT TTCCCGCTTT GGGTCCCACT GCGGCATACC 1080
AGAGGAGTAC TGTGTTTCTG GAGTCAATAC CTGGCGAGAT CAACTGAGAC CAACACAGCT 1140
GCTTCAAAAT GTCGCCAGAT TCAAAGGCTT CCCACAACCC ATCCTTTCCG AAGATGGGAG 1200
TAGAATCAGA TATGGAGGAC GAGACTACAG CTTGGATGAA TTTGAAGCCA ACAAATCCT 1260
GCACCAGCAC CTCGGGGCCC CTGAAGAGCG GCTTGCTCTT CACATCCTCA GGACTCAGGG 1320
25 GCTGGTCCCT GAGCACGTGG AAACAAGGAC TTTGCACAGC ACCTTCCAGC CCAACATTTC 1380
CCAGGGAAAA CTTCAGATGT GGGTGGATGT TTTCCCCAAG AGTTTGGGGC CACCAGGCCC 1440
TCCTTTCAAC ATCACACCCC GGAAAGCCAA GAAATACTAC CTGCGTGTGA TCATCTGGAA 1500
CACCAAGGAC GTTATCTTGG ACGAGAAAAA CATCACAGGA GAGGAAATGA GTGACATCTA 1560
CGTCAAAGGC TGGATTCCCTG GCAATGAAGA AAACAACAG AAAACAGATG TCCATTACAG 1620
30 ATCTTTGGAT GGTGAAGGGA ATTTTAAGTG GCGATTTGTT TTCCCGTTTG ACTACCTTCC 1680
AGCCGAACAA CTCTGTATCG TTGCGAAAAA AGAGCATTTT TGGAGTATTG ACCAAACGGA 1740
ATTTTCAATC CCACCCAGGC TGATCATTCA GATATGGGAC AATGACAGT TTTCTCTGGA 1800
TGACTACTTG GGTTCCTTAG AACTTGACTT GCGTCACACG ATCATTCTCT CAAAATCACC 1860
AGAGAAATGC AGGTGGGACA TGATTCCGGA CCTCAAAGCC ATGAACCCCC TTAAAGCCAA 1920
35 GACAGCCTCC CTCTTTGAGC AGAAGTCCAT GAAAGGATGG TGGCCATGCT ACGCAGAGAA 1980
AGATGGCGCC CGCGTAATGG CTGGGAAAGT GGAGATGACA TTGGAAATCC TCAACGAGAA 2040
GGAGGCCGAC GAGAGGCCAG CCGGGAAGGG GCGGGACGAA CCCAACATGA ACCCAAGCT 2100
GGACTTACCA AATCGACCAG AAACCTCCTT CCTCTGGTTC ACCAACCCTG GCAAGACCAT 2160
GAAGTTTATC GTGTGGCGCC GCTTTAAGTG GGTCTCATC ATGCTTGTCT TCCTGCTTAT 2220
40 CCTGCTGCTC TTCGTGGCCG TGCTCCTCTA CTCTTTGCCG AACTATTTGT CAATGAAGAT 2280
TGTAAGGCCA AATGTGTAAC AAAGGCAAAG GCTTCATTTT AAGAGTCATC CAGCAATGAG 2340
AGAATCCTGC CTCTGTAGAC CAACATCCAG TGTGATTTTG TGTCTGAGAC CACACCCAG 2400
TAGCAGGTTA CGCCATGTCA CCGAGCCCCA TTGATTCCCA GAGGGTCTTA GTCTGGAAA 2460
GTCAGGCCAA CAAGCAACGT TTGCATCATG TTATCTCTTA AGTATTAAAA GTTTTATTTT 2520
45 CTAAAGTTTA AATCATGTTT TTCAAATAT TTTTCAAGGT GGCTGGTTCC ATTTAAAAAT 2580
CATCTTTTTA TATGTGTCTT CGGTTCTAGA CTTTCAGCTT TGGAATATGC TAAATAGAAT 2640
TCAAAAATCT CTGCATCTTG AGGTGATATA CTTTATATTT GTAATCAACT GAAAGAGCTG 2700
TGCAATATAA AATCAGTTAG AATAGTTAGA ACAATTCTTA TTTATGCCCA CAACCATTCG 2760
TATATTTTGT ATGGATGTCA TAAAAGTCTA TTTAACCTCT GTAATGAAAC TAAATAAAAA 2820
50 TGTTTCACCT TAAAACATA GGGGGGGTGG TCGGGGGGTC GGGAGGGGGG GGGGTGGTGT 2880
GGGGTGTGG

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 603:

- 55 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 3638 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 603

```

AGAGTTTCAG TTTTGGCAGC AGCGTCCAGT GCCCTGCCAG TAGCTCCTAG AGAGGCAGGG 60
GTTACCAACT GGCCAGCAGG CTGTGTCCCT GAAGTCAGAT CAACGGGAGA GAAGGAAGTG 120
GCTAAAACAT TGCACAGGAG AAGTCGGCCT GAGTGGTGCG GCGCTCGGGA CCCACCAGCA 180
20 ATGCTGCTCT TCGTGCTCAC CTGCCTGCTG GCGGTCTTCC CAGCCATCTC CACGAAGAGT 240
CCCATATTTG GTCCCGAGGA GGTGAATAGT GTGGAAGGTA ACTCAGTGTC CATCACGTGC 300
TACTACCCAC CCACCTCTGT CAACCGGCAC ACCCGGAAGT ACTGGTGCCG GCAGGGAGCT 360
AGAGGTGGCT GCATAACCCT CATCTCCTCG GAGGGCTACG TCTCCAGCAA ATATGCAGGC 420
AGGGCTAACC TCACCAACTT CCCGGAGAAC GGCACATTG TGGTGAACAT TGCCAGCTG 480
25 AGCCAGGATG ACTCCGGGCG CTACAAGTGT GGCCTGGGCA TCAATAGCCG AGGCCTGTCC 540
TTTGATGTCA GCCTGGAGGT CAGCCAGGGT CTTGGGCTCC TAAATGACAC TAAAGTCTAC 600
ACAGTGGACC TGGGCAGAAC GGTGACCATC AACTGCCCTT TCAAGACTGA GAATGCTCAA 660
AAGAGGAAGT CTTGTACAA GCAGATAGGC CTGTACCCTG TGCTGGTCAT CGACTCCAGT 720
GGTTATGTGA ATCCCAACTA TACAGGAAGA ATACGCCTTG ATATTCAGGG TACTGGCCAA 780
30 CGACTGTTCA GCGTTGTCTAT CAACCAATC AGGCTCAGCG ATGTGGGCA GTATCTCTGC 840
CAGGCTGGGG ATGATTCCAA TAGTAATAAG AAGAATGCTG ACCTCCAAGT GCTAAAGCCC 900
GAGCCCGAGC TGGTTTATGA AGACCTGAGG GGCTCAGTGA CCTTCCACTG TGCCCTGGGC 960
CCTGAGGTGG CAAACGTGGC CAAATTTCTG TGCCGACAGA GCAGTGGGGA AACTGTGAC1020
GTGGTCGTCA ACACCCTGGG GAAGAGGGCC CCAGCCTTTG AGGGCAGGAT CCTGCTCAAC1080
35 CCCCAGGACA AGGATGGCTC ATTCAGTGTG GTGATCACAG GCCTGAGGAA GGAGGATGCA1140
GGGCGCTACC TGTGTGGAGC CCATTCGGAT GGTCAGCTGC AGGAAGGCTC GCCTATCCAG1200
GCCTGGCAAC TCTTCGTCAA TGAGGAGTCC ACGATTCCCC GCAGCCCCAC TGTGGTGAAG1260
GGGTGGCAG GAGGCTCTGT GGCCGTGCTC TGCCCTTACA ACCGTAAGGA AAGCAAAAGC1320
ATCAAGTACT GGTGTCTCTG GGAAGGGGCC CAGAATGGCC GCTGCCCCCT GCTGGTGGAC1380
40 AGCGAGGGGT GGGTTAAGGC CCAGTACGAG GGCCGCTCT CCCTGCTGGA GGAGCCAGGC1440
AACGGCACCT TCACTGTCTAT CCTCAACCAG CTCACCAGCC GGGACGCCGG CTCTACTGG1500
TGTCTGACCA ACGGCGATAC TCTCTGGAGG ACCACCGTGG AGATCAAGAT TATCGAAGGA1560
GAACCAAACC TCAAGGTACC AGGGAATGTC ACGGCTGTGC TGGGAGAGAC TCTCAAGGTC1620
CCCTGTCACT TTCCATGCAA ATTCTCCTCG TACGAGAAAT ACTGGTGCAA GTGGAATAAC1680
45 ACGGGCTGCC AGGCCCTGCC CAGCCAAGAC GAAGGCCCCA GCAAGGCCTT CGTGAAGTGT1740
GACGAGAACA GCCGGCTTGT CTCCCTGACC CTGAACCTGG TGACCAGGGC TGATGAGGGC1800
TGGTACTGGT GTGGAGTGAA GCAGGGCCAC TTCTATGGAG AGACTGCAGC CGTCTATGTG1860
GCAGTTGAAG AGAGGAAGGC AGCGGGGTCC CGCGATGTCA GCCTAGCGAA GGCAGACGCT1920
GCTCCTGATG AGAAGGTGCT AGACTCTGGT TTTCGGGAGA TTGAGAACAA AGCCATTGAG1980
50 GATCCCAGGC TTTTTCGAGA GGAAAAGGCG GTGGCAGATA CAAGAGATCA AGCCGATGGG2040
AGCAGAGCAT GTGTGGATTC CGGCAGTCTC GAGGAACAAG GTGGAAGCTC CAGAGCGCTG2100
GTCTCCACCC TGGTGGCCCT GGGCCTGGTG CTGGCAGTGG GAGCCGTGGC TGTGGGGGTG2160
GCCAGAGCCC GGCACAGGAA GAACGTCGAC CGAGTTTCAA TCAGAAGCTA CAGGACAGAC2220
ATTAGCATGT CAGACTTCGA GAACTCCAGG GAATTTGGAG CCAATGACAA CATGGGAGCC2280
55 TCTTCGATCA CTCAGGAGAC ATCCCTCGGA GGAAAAGAAG AGTTTGTTGC CACCACTGAG2340
AGCACCACAG AGACCAAAGA ACCCAAGAAG GCAAAAAGGT CATCCAAGGA GGAAGCCGAG2400
ATGGCCTACA AAGACTTCCT GCTCCAGTCC AGCACCGTGG CCGCCGAGGC CCAGGACGGC2460
CCCCAGGAAG CCTAGACGGT GTCGCCGCTC GCTCCCTGCA CCCATGACAA TCACCTTCAG2520
AATCATGTCT ATCCTGGGGC CCTCAGCTCC TGGGGACCCC ACTCCCTGCT CTAACACCTG2580

```

CCTAGGTTTT TCCTACTGTC CTCAGAGGCG TGCTGGTCCC CTCCTCAGTG ACATCAAAGC2640  
 CTGGCCTAAT TGTTCCCTATT GGGGATGAGG GTGGCATGAG GAGGTCCCAC TTGCAACTTC2700  
 TTTCTGTTGA GAGAACCCTCA GGTACGGAGA AGAATAGAGG TCCTCATGGG TCCCTTGAAG2760  
 GAAGAGGGAC CAGGGTGGGA GAGCTGATTG CAGAAAGGAG AGACGTGCAG CGCCCCCTCTG2820  
 5 CACCCTTATC ATGGGATGTC AACAGAATTT TTTCCCTCCA CTCCATCCCT CCCTCCCGTC2880  
 CTTCCCTCT TCTTCTTTCC TTACCATCAA AAGATGTATT TGAATTCATA CTAGAATTCA2940  
 GGTGCTTTGC TAGATGCTGT GACAGGTATG CCACCAACAC TGCTCACAGC CTTTCTGAGG3000  
 ACACCAGTGA AAGAAGCCAC AGCTCTTCTT GCGGTATTTA TACTCACTGA GTCTTAACTT3060  
 TTCACCAGGG GTGCTCACCT CTGCCCTAT TGGGAGAGGT CATAAAATGT CTCGAGTCCT3120  
 10 AAGGCCTTAG GGGTCATGTA TGATGAGCAT ACACACAGGC ATGAGCCACT GAGCCTGGCC3180  
 CAGAAGCGTT TTTCTCAAAG GCCCTCAGTG AGATAAATTA GATTTGGCAT CTCCTGTCCT3240  
 GGGCCAGGGA TCTCTCTACA AGAGCCCCTG CCCCTCTGTT GGAGGCACAG TTTTAGAATA3300  
 AGGAGGAGGA GGGAGAAGAG AAAATGTAA GAGGGGAGAT CTTTCCCAGG CCGCACCATT3360  
 TCTGTCACTC ACATGGACCC AAGATAAAAG AATGGCCAAA CCCTCACAAAC CCCTGATGTT3420  
 15 TGAAGATTTC CAAGTTGAAG GGAAACAAAG AAGTGTGTTGA TGGTGCCAGA GAGGGGCTGC3480  
 TCTCCAGAAA GCTAAATTT AATTTCTTTT TTCCTCTGAG TTCTGTACTT CAACCAGCCT3540  
 ACAAGCTGGC ACTTGCTAAC AAATCAGAAA TATGACAATT AATGATTAAA GACTGTGATT3600  
 GCCACCAAAA AAAAAAAAAA AGACGAAAAG AAAAAGGG 3638

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 604:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2775 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

25 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

30 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

40 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 604

ATAGGTTTGG ACCTTTCTTG GTAGAATTAC TGCCCTAATT TTGTTCCACT GATACTAGAA 60  
 45 ACGGTCTGAT GTTAGAGCTG GAAGGGATCT GTAGTATCAC GCAGTCCGAT TCTCTAATTT 120  
 TCCACATGAG AAAATGAAGG TCCAGAGGAA GCAGAGACTT AACTCACAAA TCAGAAAAGC 180  
 GGTTCTTGCA GAACTGAGGC CATAGTGAGG ACTTTCTGCT TTCCACCATA CCACCTTGCC 240  
 AGTCCACACA AGAGGGAGGA TGTATTTTGG GGGGCATACA CTGAGGATGG AGAAAGATGG 300  
 CATCAGAACT GCTGGGTGAA GTGGTGGCTT AACTGGACTT TGACAGCTGC CTTTTGAAAA 360  
 50 CCCCCAACT AAACACACTG CATGTAATCA AAAGATGCTT ATACTAATAA TGACCTGTGC 420  
 TGTTCCCACT CAGTTGCTCT CTGTTTTCGA GAAGACATGA GAAGCTGCAA CATGACCTGG 480  
 AGTGGAACCTG GAGAGTCACA TTTTGTGTTT AGCCACCTGC TGGGCAGCAG AGCGACTGCA 540  
 CCTTCCCAGA AGGCTGAAGT GCTCGTGTGC TGCACTCCAG TGGCATCTCT GCAGTGGTCA 600  
 GAGTGACCTG GTATAAGGGA GAGGGCATCA CTTGCCCCC TGTGCTGACT CTGCCCCTC 660  
 55 CCCTACAGGA GAGTCCATCC CGATCCGGCT CTTCTGGCC GGGTATGAGC TCACGCCCAC 720  
 CATGCGGGAC ATCAACAAGA AGTTCTCTGT GCGCTATTAC CTCAACCTGG TGCTGATAGA 780  
 CGAGGAGGAG CGGCGCTACT TCAAGCAGCA GGAAGTGGTG TTGTGGCGGA AGGGTGACAT 840  
 CGTACGGAAG AGCATGTCCC ACCAGGCGGC CATCGCCTCA CAGCGCTTG AGGGCACCAC 900

CTCCTTGGGT GAGGTGCGGA CCCCCAGCCA GCTGTCTGAC AACAACTGCA GGCAGTAGGC 960  
 CCCAGGGGCC GAGAAGATGC TGGGCACCCA CCCAGCACCC CCATCTACCA ACACCAGCGG1020  
 CTGGGGGCGG GGGCGGACCT TGTGAGGCTC AGTTGACCCG TTAGTTGCAA CCTGAAAACA1080  
 AATCATGTTT TTGACTTAAA TTCTTTTCTC TGGAGAACCC AAGGGGCTTG GGGTGGGAAG1140  
 5 CAGTCTCTCC TTGGGATTCT GCGGCCGATG TGGGATAGAA GAGGTAGCAT CCTGGAAGCC1200  
 AGCCTCTCTG GGGAACATGA GCCCCCTTCC TCGGGGGGCT GCCTTGCGTC TTAGAGGAGG1260  
 GAGAGCAGAG AGCAGGCATC CTTGGCTCCT GGCTCTCTGA GCTTCCTGAT ACAGGATCTG1320  
 AGCATGTCCC TGGGATTCTG AGCTGCCAAC AGGGCCCTGG GTAGTCACAT CTTGTACTCC1380  
 CCTTTGCTGT CCCGGAGGTA GTGGCAGGAG TTGGGCCAGC CCCCCTAAG TGGCAGGGGA1440  
 10 AGACTCACGA TTGGGAAGCT ACCTCTTTGG GAATCTTGGA TGTGGTGATC TCAAGTTCCC1500  
 ACAGGCCACC TCCTTCTGGC CACTCACTGC TGGGACCCAG GCACCTCCCT TCTCCATCCT1560  
 CTCTGGATTG TCAGTAATGT CCTGGAACAG AAGCCTGTAG GATGGCCTTG GGCACGGAGA1620  
 AGCCCTGGGG TCAGTGTCGT GCACGGATGG CCGCAGTGT GAACCCAGGA GGCTGAACCC1680  
 GGCCCAACCAC GGAAGATGAG TGCATGGCAA CCGCCTGCCT TCACGTCGCT CCACTTGGTA1740  
 15 ACCCAAGGT CTGGGCTGTT CTAGGTATTG CTTACAGTGC CCCAGCAAGC CCTTAACAAG1800  
 AGGGCCTGGT TCCCTGAAGA ACCAATCCCA GGAAGGGGCC TTGATCCCTC CGCCTTGCTG1860  
 AGAGTGAACC CTCGTCTCTC CTCACCCTCC ATTTTCATTTC TGGGAATTGG GGCTTAGTTT1920  
 CGAACCTTTG GCAAGGCTGT TCTTACTAAT GCCCAAGCCC CTTTACCCTT CTCCCTATAG1980  
 GTTACACAGG GGAGACCAGG GCCTCGGCAG AAGACTGCTG CCACACTTCC GAATCATTCT2040  
 20 GCTTGCCAAA TAGGTCATCT TCACCAGTTG ACTGACCCAA GTTTAGGACC ATTGGTATCG2100  
 TGTGTTTAAA AAACACATAT AAAAAAATC TTGTGAATAT TCTTGTTATG CTAGAGAGGA2160  
 AGGTACTTCT CCTCTACGG CTCTGCGCTG GGGCCTATGG TAGTAAAGTT GTTTACTGTC2220  
 CTTTTTCTGC TCCCCTGGA AATGACAGGC ATTACTCTCC CATTGGCCTC CCTTCCCTTT2280  
 ATAGAAAGAC CAAGCAGGCC CCACTGGCCA AGAGGTACGG TATTTGGCAG TCTGAGTTCT2340  
 25 CAGTAATTTG GAAAGTTAAG GAGTTGGTTC CTGTGTCACC TTTCAGTTAG TGTGGGAAAG2400  
 GAAGACTTCT GTTTTCTTGA GATCAGTGCA GTCTCAGGCC TTTGGCAGGG CTCATGGATC2460  
 AGAGCTGAGA CTGGAGGGAG AGGCATTTCG GGTAGCCTAG GAGGGCGACT GGCGGCAGCA2520  
 GAACCGAGGA AGGCAAGGTT GTTTCCCCCA CGCTGTGTCC TGTGTTTCAAG TGCGACACAC2580  
 AATCCTCATG GGAACAGGAT CACCCATGCG CTGCCCTTGA TGATCAAGGT TGGGGCTTAA2640  
 30 GTGGATAAGG GAGGCAAGTT CTGGGTTTCT TGCCTTTTCA GAGCATGAGG TCAGGCTCTG2700  
 TATCCCTCCT TTTCCTAGCT GATATTCTAA CTAGAAGCAT TTGTCAAGTT CCCTGTGTGG2760  
 CCTTCCCCC CAGAG 2775

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 605:

35

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 944 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

40

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

50

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

55

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 605

GAAAAGGGGG AGGGGGAGTG ACAATCTTTG CTTGGGGCCT ATGACTTCTC CAGCCCCAAG 60

```

GGGAGATGCC ACCGGGAAAT CCCCCAATGT CCACTAGGGG GCAGGAGGCC ACCGTTCTTC120
GTACTCCGGA GAACCTGGCT GGAGAGCTCT TTCTTGTTCA CCCTTCCCAC CAGACTAAAA180
GGTCATCGCA GATAACGTGA AGGACTGGAG CAAGGTCGTC CTGGCCTATG AGCCTGTGTG240
GGCCATTGGT ACTGGCAAGA CTGCAACACC CCAACAGGCC CAGGAAGTAC ACGAGAAGCT300
5 CCGAGGATGG CTGAAGTCCA ACGTCTCTGA TGCAGTGGCT CAGAGCACCC GTATCATTTA360
TGGAGGCTCT GTGACTGGGG CAACCTGCAA GGAGCTGGCC AGCCAGCCTG ATGTGGATGG420
CTTCCTTGTG GGTGGTGCTT CCCTCAAGCC CGAATTCGTG GACATCATCA ATGCCAAACA480
ATGAGCCCCA TCCATCTTCC CTACCTTCC TGCCAAGCCA GGGACTAAGC AGCCCAGAAG540
CCCAGTAACT GCCCTTTCCC TGCATATGCT TCTGATGGTG TCATCTGCTC CTTCCTGTGG600
10 CCTCATCCAA ACTGTATCTT CTTTACTGT TTATATCTTC ACCCTGTAAT GGTGGGACC660
AGGCCAATCC CTTCTCCACT TACTATAATG GTTGGAAC TAACGTCACCA AGGTGGCTTC720
TCCTTGCTG AGAGATGGAA GGCGTGGTGG GATTGCTCC TGGGTCCCT AGGCCCTAGT780
GAGGGCAGAA GAGAAACCAT CCTCTCCCTT CTTACACCGT GAGGCCAAGA TCCCCTCAGA840
AGGCAGGAGT GCTGCCCTCT CCCATGGTGC CCGTGCTCT GTGCTGTGTA TGTGAACCAC900
15 CCATGTGAGG GAATAAACCT GGCCTAGGA AAAAAAAAAA AAAA 944

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 606:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1939 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 606

```

40 CCAGTCAAGA ATCTCCCACT AAGCTTCAAA GTAGTGGATT ACAGCATGGC AACCATGCCA 60
GTAATTTGAA ATTTAGTAGA GAGGCTTTCG CTTAGTAGAG ATGGGTTTTT GCAGGCTGCT 120
CCCGAACTCC TGACCTCACC CCACCCGCGG CAACCCCCC ATCGGGCCCC CAAAGTGCTG 180
GGGTTACAGG CTTAAGCCAC CAAGCCCGGC CGACCTTCTT CTATTTTTC ATTCTCCTTT 240
45 CCAAAGCCAT GGCCATGCGC TCCTGTGTAC AGGTGCATAA ACACATCAGT GTGCCATCCC 300
TCACATGCAT GTCGTTCCCC ACCCTCCTT CCCAGGGCTT CTCTGGCTC CAGCGTTCCT 360
CTGGGACCCT CTCAGATAC AGCCTGTGCT GGACCCCAAG CCAGGGTGAG GGCTCATTCT 420
GCTCTGTCTT CCCCCTGCC TCAGTTTCCC CCAAAGCTG CTTTCACGTC CTTCTAGTAG 480
GGGGCCTCCC ATGGGGGCAA GGATCCCTT TAGGATTCAA TCTTTCCTCT TTGGGCAGTT 540
50 TTGGCTTTGA GTCCCCCAGG GATCAGGGTG AGAATGAAGA AGAGCTCAGT GAGCGGAATG 600
ACAGCAGCTG GGTGGGTGGT GTGGGGAGAG GCTGAGGGGA AGGCAGCTCT AAGACTGGGA 660
GTGGAGTTC TGGAGGTGTG GGGAGGGGG CGTGTTTTCA ATTTAGAAAA ATCTCAGCCA 720
GCTCGAGCCG AGAGAGAATG CGAAAGAGGA AGTTCGGAAG GAGCGAGGAA TGGGGTGGGT 780
GGCAGCGGGG GCGCTCAGT CGCTGTCGCT CTTGTCCACC AGCAGGCGT CCGACTCCTC 840
55 GGTGATCTCC AGCAGCGCGT GCACGTCGGG GCTGCTCCCG CGCCGCAGGT CGCCGGCCTC 900
CCCCGCTCC GCGCCGCCCT CGTCGTCGTC GCGCCCAACC TCCACCATCT CCGTGGCCTT 960
GAGCACTTCC ACCTGGCCCT CGCGGATCTT CTTGACGTGG AAGGTGAAGG GTGGCACCTT1020
GTAGACCGCG GTCTTGGAGC GCGCGTACAC CACGTGGTCG GCGGTGAAGG ATTTGCGCAA1080

```

```

CTTGTCCCGC GACGTCTTCA GTTCTCGCG CCGCTCGGCG GGCACCAGGC GCGTGCCAG1140
CTTGTTTCATG CGCTTCTCCA GGGTGTGCCG CGTCTTCTCC AGGTTTTTCCT TGGTCTTGAG1200
GCGCGTCTTC TCCAGGTTCT CGCGGGTACG CACCTTGGTC TTCTCCATCT TCTCCTTGGA1260
GAAGGCCTTC TTGAAGTCGT CCACGCGCGG CAGGCCCTGC GCTTGATACG CTCTGCGCGG1320
5 GACTCCTCAA TAACCTCCTC AACCTCCACC GCCTCGTCCG ACGAAAGCTC CAGCGCCGCT1380
GCGTCCTCCT CGGGCCGCTC GCCCTCGCCC AGCTCCTCGC CCTCCTTCTC TGGCAGCGCC1440
TCCGACTCTT TCAGCGATTT GCTGATGCTC AGTTTGGCCG GCAGCTTCAC TTCATCCTGG1500
TAGATCATGA CTTTAAAGTT GCGGCGCCG AGCAGCTCGG CCTCGTTGAC CTCCAGCTTC1560
TTGATCTGCC CCGCCTGGCG CTCCAGGCTG CCGCGCACGG TCTTCACGTT GACGCTGACC1620
10 TTGCGCACCT TCTCCAGCAG CTTGCTCACC GTATTGCTCG TGGTGGCGTG CGCCTTGCCC1680
AGCTTGCTCA GCTCGCCCTG GATGCTCTGC ACTGCGCCCT CCATCTCCGC CTGCCGCTCC1740
TCCAGCTGTG CTTGAGTCAG CTGGATCTGG TCTACGGCCC CGATGATTTT GTCCAGGAGG1800
CTCAGCACCA GCACGCCGTT CACCTGGTCC GACTTGATCA GCTCTTCTGA GCCGGCCCCC1860
GACGGCTCCT CCGCTGCCTG AGCCCCAGCG GAGGAAGCTC CGGGGCCCTCG GCGATCGGGG1920
15 TACCCGGGCA AGCGGCCCGC

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 607:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 20 (A) LÄNGE: 1570 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

35 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 607

```

40 GGCACGAGGA AGTTAAGATC ATACATGCGG ATGTGCTGGT AACCTGCAAG AAGCAATCAT 60
GCTGCGGTCC GGTGTGACCT CCCAAGGCAT TCACCCTGGG AGTCCCTGGT GCTGCACCCC 120
AACCCAGGCA GAGCTCATCG TGGGTGACCA GAGCGGGGCT ATCCACATCT GGGACTTGAA 180
AACAGACCAC AACGAGCAGC TGATCCCTGA GCCCGAGGTC TCCATCACGT CCGCCACAT 240
45 CGATCCCGAC GCCAGCTACA TGGCAGCTGT CAATAGCACC GGAAACTGCT ATGTCTGGAA 300
TCTGACGGGG GGCATTGGTG ACGAGGTGAC CCAGCTCATC CCCAAGACTA AGATCCCTGC 360
CCACACGCGC CGTACGCCCT GCAGTGTCGC TTCAGCCCCG ACTCCACGCT CCTCGCCACC 420
TGCTCGGCCCT GATTAAGACG GTGCAAGATC TGGGAAGGACG TCCAACCTTC TCCCTGATGA 480
CGGAGCTGAA GCATCAAGAG CGGCAACCCC GGGGAAGTCC TCCCGCGGCT TGGATGTGGG 540
50 GGCCTGCGCT CTCATCGGGG GACTCCCAGT ACATCGTCAC TGCTTCCTCG GACAACCTGG 600
CCCGGCTCTG GTGTGTGGAG ACTGGAGAGA TCAAGAGAGA GTACGGCGGC CACCAGAAGG 660
CTGTTGTCTG CCTGCGCTTC AATGACAGTG TGCTGGGCTA GCCTGTGACC CCTCGGGACN 720
TGCCCTGGTG AGGTGGTGGC AGCNTGGAGG GACCCATGCA GCACCCAGGT CAGAGCAGAC 780
CCNTNCCCTT NGCCNGGCCCT GCGCCANGCT GGNACCTGAT GGCCCCCTGT GGCGCCTTGA 840
55 CCTGCTGGGC CAGGCTGNCC CTGGGACTCT CAGCCCCCAN GTTGCTTATC CANGATGTGA 900
CAGAGCTCGA CCCAAGCCAG GCTGCACACT CCTGGACNTG GGCTAGCCTG CACTGCCNTG 960
GGAAAGNTCN GCCGAGGGCC CANAAGCTGC TGAGGGGTNC TGAGGCTGGT GCCCACCCCC1020
AAGCTAGTGT GTTCTCTGCC CCTCCCTGCC CGCGTTTCAG GGCTTCGGTC CATAGAGAAC1080

```

ACCACCACCA TGGCCAGGTG GAAGGGTTTA TTAGTCCCTG CCAGCAGCTG TCCTCCCTGG1140  
 TGCAGGTGGC CTGGCCAGCC CACTGGATTG GGGACGGGCC AGGCTGGGCC AGGTCGGGG1200  
 CTCAGTCTGG GAGGTAATAA AAGCAGACCG ACACGCAGAT GTTGCTCGGG AAAAAAAAAA1260  
 AAAAAAAAAA AAAAAAAAAAGC CGCTGTCTCC GGGGCCCTC TGCTCGCCGG GCCCAGTAGA1320  
 5 TGGGGGTCTT CATGCACAGG CGCTGCACCA AAGCCCCCGC CTGGGCGGTA GCCACTTACG1380  
 AGGCTCCCTT GCACTGCCAG CAGCTCCTGG GTGTGGTGGG TGTCCTGGCT GGGGACCCAA1440  
 GCCTCTTGGA CCTTGGAGGT ATCCACCAGC AGCCGCAGGT CTCCCGATCA CTGTCTCCA1500  
 TCAGGCGGAG GAAGCAGACC TGGTGCTCCT CAGGGCGGTA ACAGATGCAG CCGCTCTGCC1560  
 CGTCGAACAG 1570

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 608:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1768 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 608

GCACAATCCC GGCTCACTGC AACCTCCAAC TCCTGGGTTC AAGCGATTCT CCCGTCTCTA 60  
 CAAAGTATAC AAAAAAATTA GCCAGGCATG GTGGTGCGTG CCTGTAATCC CAGCTACTTG 120  
 GGAGGCTGGG GCACAGGAAT CCTTTGAAC TGGGAGGCAG AGGTTGCAGT GAGCTGAAAT 180  
 CACACTACTG CCCCCAGCC TGGGCAACAG AGCAAGACTC TGTCTCGAAA AAAAAAAAAG 240  
 AAAACAATGA AGGAAAAGGA GGGTGAGTTA GCTGGAGTAG AATAGAGGTA TAGAATCGTT 300  
 40 CCTAAATAAC CGGCTGCATT GGTTCCTTGG AGACTTGCTA AAAACCCAGA TTCCCAGGCC 360  
 CCACTTCTTG GTGCTCTTAA TTCAGTAGCA TCACAGTAGG GTTCCAGAAG CGGTATTTT 420  
 AACAAAGCTCC CAGGTAATTC TGATGTGCAC CTAGATTTGG AAATCACTGT GTTAAAAAAT 480  
 ATTGTGAGGT AAGTTGGTCA GTTAGGTTGG GCAGCTTTTA TTTCATTGCT AAGGGATTG 540  
 GACTTGATGG TGTAATAAAG CATTAATTGA ACAAATATTT ATGGAGCCTG TACTATGTAC 600  
 45 CAGATGCAGA CTGTGCTAGC GGTGCGGGAT ACAGTGATGA CTTGGTCTGC CTCTAGGTGG 660  
 CAGGGAGCCA TTTTGGGTTT TCGAACAGAA AAGTGACATA ATGAATGCTG AGTTCTTAGG 720  
 AAGATTAATC CAGGAGTAGT CTCCAGGATG TACTGGAAGG AGAGAAGCTG AAACCAGGGA 780  
 GGCTGCTGTG TTTGCAGTTG GCTGCCCAGT GCTACCTCTG CAGAGACAAT CAATGTCCTG 840  
 AAGGTAGCTG GTATGTCTGT GTGCACTGAC ACGAGCCTTC CTACCAAGCC CCAGGGGCTC 900  
 50 CATGCTGGAG AATGCACGTA GGGCTAGGGT GAGCACTAAC TTCACTTCAG GAGAGCAAGG 960  
 AACAGTGTGG CTCTTCCATT TTTCAGTTCT GTAAGCACAT CACCCTTTTC TCCTCCCCCT1020  
 GAGCTGTGTT CTCTGACAGC TGTTTGTTGG TAAAGCCAGC AGCCCCATAA GCACGTCCCA1080  
 GCCTTGCTCT CTCTGTGCTT TCCCCACCA CTGCTGCTGC ACGCCTCATT TGCTGGGCCA1140  
 CTTTAGTGGT GGAACCATTA GAGGCTGAGT GACTTAAAGG AGATTGAGTC TGTCTCGACC1200  
 55 CCGAGAGAGA GTGGGATGGA TGGATGCATC GTCTCATTTA GAAAGTGTG CCTCTGACTC1260  
 TAACACACTC TTCTCTCTTT CTTTACCGCC CTCCCTGTGT GCGTCCCTGG GGGGGCGTGG1320  
 GCTAAACCCC TTCCGTCCCC CTTTCTCCTT CTCTCTCACA GTGTAGGCAC CACTTCTCTT1380  
 ACAATTTAGG CTTTCTCTCT GCCTTGGGCT GAGTGAGGAA GAGGAGTGCT GTTCTGCCT1440

TCCTAGCCCA GCTGGGTCTG ACCAGAGGCT ACTGTGTACC CATTTACCAT GCGTGATTGT1500  
 TAACTCAGAG TGGGGTGTAG CCAGGTATTG ACTGAATGTA TGTTCTTGCT GACCTGTGTT1560  
 TTTTCTGTGA GGGACCAAAG CAGTATCCTT ACAATAATCT GTACCTGGAA CGAGGCGGTG1620  
 ATCCCTCCAA AGAACCAGAG CGGGTGGTTC ACTATGAGAT CTGAGGAGGC TTCGTGGGCT1680  
 5 TTTGGGTCCT CTAAC TAGGA CTCCCTCATT CCTAGAAATT TAACCTTAAT GAAATCCCTA1740  
 ATAAACTCA GTGCTGTGTT AAAAAAAA 1768

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 609:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1001 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 609

TAAGGAGACT GAAAGGTGAT TCATTTAGTG AGTAGCGATT ACAGAATTC TAAAACAGTG 60  
 GGGGCGGGGG GGGCGCGGGG GAGGAGGGCT GGAATTGTCC TCCAGCGCAT ACAAGGTTGT 120  
 TGCTGCCAGA GAAATCCAGC AGGAAAGAGC AGCATTCTTT CACCTTTTCC GCCTCTGAAG 180  
 35 CGGAGGAGAA CTTCATTTC CAGCAGCCCT TAAGATTCTT CCGCGCACTG CGTAGCGTCT 240  
 CCGGCATTCT GCTTTCGGC GCTCTGCCTT CCGGTGCGTC GTTTACGGCC AGTTTGAACC 300  
 AAAGACGCCC AANGGTTGAG GCCGAGNTTC CAGAGCATGG GGTCTCGGTT GTCCAGCCT 360  
 TTTGAGTCCT ATATCACTGC GCCTCCCGGT ACCGCCGCCG CGCCCGCCAA ACCTGCGNCC 420  
 CCCAGGTACA CCCGGAGCGC CGACCTNCCC CNAGCAGAAC ACCGCTNGT TGAAGANCCT 480  
 40 GCTGGAGCTG TCGNCGTNGC TTTCTGGGTT GGGGCTGATG GGGGNNCGGG CGGGTACGTG 540  
 TACNTGGGTG GCANCGGAAG CCCATGAAGA TNGGGATACC CCCCAGTNC CATGGACCNA 600  
 TTACNGCAGA TGGTCATCGN NGCCTCANGC NATTGCCACC TNGGGGTANT CGTTGTNCAT 660  
 NGGCAGACCC CAAAGGGAAN GGCTANCCG CGTTGTTTNG AAAGNTACCA CCANGTGAAT 720  
 NCTGTCTTCT GTCTNCTNGT CCCNTTNC CCGTGACACA CAGAGCAGGC ATGGAATTTA 780  
 45 ATGGGNTGTT CTGGNACNAG ACACTTGATC ATGGACAGAC ATCACTACTN NGTGGATACT 840  
 NNACAGACT GAAAAGNAAA ATCGTATGTT GTCATTNC TCCTCAGAG AAGTAAAAA NAAAAAAA 960  
 GCCTTCACAG ATTTACAGG AACCAATAA TCCTCAGAG AAGTAAAAA NAAAAAAA 1001  
 AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA A

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 610:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2515 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 610

```

GGTGTGGAAA CTACTGCAAA TAGTAGCACT TCACTGAGAT CTACAACTCT TGAAAAAGAA 60
GTTCCCTGTCA TCTTCATCCA CCCTTTAAAC ACTGGATTAT TCCGGATAAA AATTCAAGGA 120
20 GCCACTGGAA AATTTAATAT GGTCATCCCT CTTGTGGATG GGATGATTGT CAGCAGGCGA 180
GCTCTTGGCT TTCTGGTGAG GCAGACTGTA ATTAACATTT GTAGAAGAAA GAGACTGGAA 240
AGTGA CTCT ACAGTCCCCC CATGTCCGCC GGAAACAGAA AATCACCAGC ATTGTCAACA 300
AGTACCGGAA CAAGCAGCTG GAGCCAGAGT TTTATACTTC ACTTTTCCAG GAGGTGGGAC 360
TCAAGAACTG CAGTTCCTAG ACCACTGAAT TTCTAAGACT GTTGAATCC AGTTTGGGAA 420
25 CTATAACACA GCAGAACAGT TTGATAGGTG ATCACTGTAA AAATAAAAAC AAATCACTCC 480
CAAGAGCTTA CTGTTTAATC ACCAGAATAG AAGAAACACA TTATAACCCA TTTGATAGAA 540
GACTTTGGGC TATCTAGTGA AATGGGCTCC CAGACACAAT CATACTCCTG CTGATAATGA 600
TGATATACAT TTTAGCCATA AACTTTCTTT TAAAAGTGAC AATTTTAGTT AAACATAAGC 660
CTTTTGAGGA GAAAGGCTTT TATGCATCTC AGTTAAACAC GTGCATTGGT AGTATCAACA 720
30 AATTTGCAAT ATAGAAGTTG AAGATAGTTT TTTNCCTCAC TTTT TAGGAG GCTGTATTCA 780
AAATTAATAAT CTCAGAACTT TACAGGACAT TTAAAGGACT CATGTTGATA GCATGGAGGA 840
GAAGGAAAGA AGTCACAGCC TTCTACTCAG TTGTAGGTCT TCTTGTCATC CAGCTGTCAC 900
ACTGACAAAA AGAAAAGATG ATANCATGTT TTTTGTCTCA GATAAGAAGC CTGACATTAA 960
AAGATGTCAT ATTTTTTTCT CCACATTCA AAAAGTTGTC CTTCTCATCA CTGCACAGAT 1020
35 CTGTCTGAAA GCCTCAGTTT CTGAGTGACC CAGGAACAGA TCAGAAATGG AGCATGGCCT 1080
TGTCCTTTAA TGGGGATGCA AATAAAGTTT GTGGGGTTAA AAGTTATAAG ACAGCAGTGA 1140
TACCCCACTC TCTCCATTAT TGTCCAGCGG GGTGACATAA TGACAGGTTA AATATTTGTG 1200
ATTCATTGAT TAAATATTAT TTAAAGAAAT GTAAAAAAA AAAAAAGGTT GAAAATTATT 1260
TGGTTTCATC CATTGTCTCT TATTTTCAGGA CCAAGCAGCA AACTGCAGTA GTTTGTGAAG 1320
40 GATTCTAATA TGGGGTTTCAG GAATAGCCTC TCAACGCTAC TAATTCAGAT CTCTCCAGA 1380
GAAGTACTGG ATTTCTCAT AATTGACAAA CATGAGTGAC CACCTCTTTG GGTGGCTACT 1440
GTTAGAAATG GCTGTTGTCA TGTTTTCTGG ACTTTGCCAG CCAACAGATC CCTGCCAGGT 1500
TTTGGAATAA CTTCTATTAC CTCGCTGCTA CTTTTCTGCA GGGATAAAAC TTTTGNAGGT 1560
GGCCAGACCC AGAACATCCA AGGATTCCCTG TTACAGTGCT ACAGTATACA CTGCTCATTT 1620
45 ATCCTATTCT CATGTGCTTT CTTCTTTAGT AAGATTATTT TAAGAAAATA AGTGATATTT 1680
AAAGTCCAAA GAGGAATGAT CACAGTTGTA TAAGGGGTGT TTTCCCACTT GAACTCTGAT 1740
GTCAGTCGAC TGTGGGTCAG AGCTACAACC ATCTGTTTGG TTTGATGTTT TGGTGGTTTA 1800
CTTACGGAGT GGGGATAGTG TGAGACCTAA TTCCCTGTGC AAATGTCTCT TATTCCAGAA 1860
ATGTGCATTT TGTCATCTAT AAGCAAGAAA TATGGGCATA GCAGCTCTTG GTTTAAANGT 1920
50 TTGCCATAAC CTGTTTCATG TTGTTTTAAG CTCAGGTAAG GATAACCTCC NTCTTTCTAT 1980
GACTCCAGTT TCCATTACAG TTATAGTATT ATTCAATAGT TGATTTTCTT TTTAAGCTNG 2040
GGCAATAAAT TGATGTTTCC AGATGGTAAC ATGGGANGAG GGCATATAGG ATAAAGATNG 2100
AGCAAAATCT ACCCTAAAAA TGNTTCTAGT AGTTCACAGG AAGAAGATGA GGTTTAATAA 2160
CTTTCAAGGT AATTCTAGAT TGACATTTTN GAGGGGAAAA TGGGCTCTTG TTCTAGTTGA 2220
55 AGTGAGCAGA GAANGGCTAT NAAATTAATA TGTAANCTTA CAGCATTCCA GAGGTTAAAA 2280
ATAACTGATG CAGATGTACT TCTTCAGTGT GATTCTTCAG ATCAAACCTT TACTTTTGGC 2340
ATAGTTAATT TCAGAAAAAT GTGCTGTATG TGTGTGTGTA TGAGGGTTGG TCTTGCTGAT 2400
CCTTCAGTTA GCTCTAAATT CTGGCAACTC CTTGTAATTC CCATGTATTT GATACCATGA 2460
ACCAATCATG TTGAATGCGT TTGGTGATCT GGGGAGCCTC CCCCCTCTTC CCAGG 2515

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 611:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 818 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 611

```

TTTTTTTTTT ATTTAAAGCC TGGATTGTAA CCAGATTTTC TTTTTTCCCC CTTCTCAGCT 60
GTAGATATGA TATCTCCTTT CAGGGCCCCA GCTTAAGGGC AAAGTGAGTT AATGTGTAGA120
CAAAGGCGAG GGACAAGAGA GAGTTAACAT CTAGACAGTG GAAAAAGCCA TGGTGTGTGG180
TTTCTGGGAA CCACCAACAC TTGCAGGTTT AGCTTTTCC CAGGGTTGAC TACAAGAAAG240
AAAACCATGT TTTTGCAAGA TTAAAATGTG GTTGAGTGTG CCTAAATTAA CCATCCCCAT300
TTTTATCATA TTTCCACCAT CACTTCAGGG TTTTAAGAGT CAGTGCTCAC CTGGGCGGAG360
CTGGTAGTAC ATTTTGCTTC TTAGAAAGCT AAGTCCTGGG TTCCGTCTGA TTTTAGGTTC420
CAGGAAC TTCGAGAACAC CCGATCGCAG AGGGTAATTT TCTGGAGTTT GTTTTGAGG480
GATAGCTGGG AGTATGGCCA CCCTGCTCCA CGATGCGGTA ATGAATCCAG CAGAAGTGGT540
GAAGCAGCGC TTGCAGATGT ACAACTCGCA GCACCGGTCA GCAATCAGCT GCATCCGGAC600
GGTGTGGAGG ACCGAGGGGT TGGGGGCCCT CTACCGGAGC TACACCACGC CAGCTGACCA660
TGAACATCCC CTTCCAGTCC ATCCACTTCA TCACCTATGA GTTCCTGCAG GAGCAGGTCA720
ACCCCCACCG GACCTACAAC CCGCAGTCCC ACATCATCTC AGGCGGGCTG GCCGGGGCCC780
TTGCCGCGGC GCGGAGGGGC CCCCTGGACG TTTTAAGA 818

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 612:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1024 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 612

```

GCGGTCGGTA GTGCGGCGCT GTTTAAAGAT GGCGGCGGAG GAACCTCAGC AGCAGAAGCA 60
GGAGCCGCTG GGCAGCGACT CCGAAGTGTT AACTGTCTGG CCTATGATGA AGCCATCATG 120
GCTCAGCAGG ACCGAATTCA GCAAGAGATT GCTGTGCAGA ACCCTCTGGT GTCAGAGCGG 180
CTGGAGCTCT CGGTCCTATA CAAGGAGTAT GCTGAAGATG ACAACATCTA TCAACAGAAG 240
ATCAAGGACC TCCACAAAAA GTACTCGTAC ATCCGCAAGA CCAGGCCTGA CGGCAACTGT 300
TTCTATCGGG CTTTCGGATT CTCCCACTTG GAGGCACTGC TGGATGACAG CAAGGAGTTG 360
CAGCGGTTCA AGGCTGTGTC TGCCAAGAGC AAGGAAGACC TGGTGTCCCA GGGCTTCACT 420
GAATTCACAA TTGAGGATTT CCACAACACG TTCATGGACC TGATTGAGCA GGTGGAGAAG 480
CAGACCTCTG TCGCCGACCT GCTGGCCTCC TTCAATGACC AGAGCACCTC CGACTACCTT 540
GTGGTCTACC TCGGGCTGCT CACCTCGGGC TACCTGCAGC GCGAGAGCAA GTTCTTCGAG 600
CACTTCATCG AGGGTGGACG GACTGTCAAG GAGTTCTGCC AGCAGGAGGT GGAGCCCATG 660
TGCAAGGAGA GCGACCACAT CCACATCATT GCGCTGGCCC AGGCCCTCAG CGTGTCCATC 720
CAGGTGGAGT ACATGGACCG CGGCGAGGGC GGCACCACCA ATCCGCACAT CTTCCCTGAG 780
GGCTCCGAGC CCAAGGTCTA CCTTCTCTAC CGGCCTGGAC ACTACGATAT CCTCTACAAA 840
TAGGGCTGGC TCCAGCCCGC TGCTGCCCTG CTGCCCCCCT CTGCCAGGCG CTAGACATGT 900
ACAGAGGTTT TTCTGTGGTT GTAAATGGTC CTATTTACC CCCTTCTTCC TGTACATGA 960
CCCCCCCCCA TGTTTTATTA AAGGGGGTGC TGGTGGTGAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA 1020
AAAA                                             1024

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 613:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1322 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 613

```

GCTGACCACG ACATGTGTCT CCTCCTCTGC ACCTTCCAAG ACCTCCTTAA TAATGAACCC 60
ACATGCCTCT ACCAATGGAC AGCTCTCAGT CCACACTCCC AAAAGGGAAA GTTTGTCCCA 120
TGAGGAGCAC CCCCATAGCC ATCCTCTCTA TGGACATGGT GTATGCAAGT GGCCAGGCTG 180

```

```

TGAAGCAGTG TGCGAAGATT TCCAATCATT TCTAAAACAT CTCAACAGTG AGCATGCGCT 240
GGACGATAGA AGTACAGCCC AATGTAGAGT ACAAATGCAG GTTGTACAGC AGTTAGAGCT 300
ACAGCTTGCA AAAGACAAAG AGCGCCTGCA AGCCATGATG ACCCACCTGC ATGTGAAGTC 360
TACAGAACCC AAAGCCGCCC CTCAGCCCTT GAATCTGGTA TCAAGTGTC CTCTCTCAA 420
5 GTCCGCATCG GAGGCTTCTC CACAGAGCTT ACCTCATACT CCAACGACCC CAACCGCCCC 480
CCTGACTCCC GTCACCCAAG GCCCCTCTGT CATCACAACC ACCAGCATGC ACACGGTGGG 540
ACCCATCCGC AGGCGGTACT CAGACAAATA CAACGTGCCC ATTTCTGTCAG CAGATATTGC 600
GCAGAACCAA GAATTTTATA AGAACGCAGA AGTTAGACCA CCATTTACAT ATGCATCTTT 660
AATTAGGCAG GCCATTCTCG AATCTCCAGA AAAGCAGCTA ACACTAAATG AGATCTATAA 720
10 CTGGTTTACA CGAATGTTTG CTTACTTCCG ACGCAACGCG GCCACGTGGA AGAATGCAGT 780
GCGTCATAAT CTTAGTCTTC ACAAGTGTTT TGTGCGAGTA GAAAACGTTA AAGGGGCAGT 840
ATGGACAGTG GATGAAGTAG AATTCCAAA ACGAAGGCCA CAAAAGATCA GTGGTAACCC 900
TTCCCTTATT AAAAACATGC AGAGCAGCCA CGCCTACTGC ACACCTCTCA ATGCAGCTTT 960
ACAGGCTTCA ATGGCTGAGA ATAGTATACC TCTATACACT ACCGCTTCCA TGGGAAATCC1020
15 CACTCTGGGC AACTTAGCCA GCGCAATACG GGAAGAGCTG AACGGGGCAA TGGAGCATAC1080
CAACAGCAAC GAGAGTGACA GCAGTCCAGG CAGATCTCCT ATGCAAGCCG TGCATCCTGT1140
ACACGTCAA GAAGAGCCCC TCGATCCAGA GGAAGCTGAA GGGCCCCTGT CCTTAGTGAC1200
AACAGCCAAC CACAGTCCAG ATTTTGACCA TGACAGAGAT TACGAAGATG AACCAGTAAA1260
CGAGGACATG GAGTGACTAT CGGGGCGGGC CAACCCCGAG AATGAAGATT GGAAAAGGA1320
20 AA 1322

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 614:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 25 (A) LÄNGE: 4458 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 35 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

40

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 614

45

```

GCCCCGCGTT AACAAAGGGA GCCGATACCG ACCGGCGTGG GCGCGGAGCG GGCGGCCGCC 60
ACCGAGCGTG CTGAGCAACC GCAGCCTCCG CGGCCGAGAG TGCAGCGAGC AAGGGGACAA 120
AAAGTTCCGC AAAGCCCGCA CAACAGCAC CACAGAGAGA AGGGAAGAAC GGCATCCAGC 180
CCACCAGAAA TGGACCGACA CACCTCAGCA TCTCCAAACC CCGCAGCACA CGTGACCATA 240
50 AACCAGCAA GATGAGTTTT GATCATCCTG AGAAAAATGG GCCTTGGCCT GCAGACCCAA 300
TAAACCTTCC CTCCCATGGA TAATAGTGCT AATTCCTGAG GACCTGAAGG GCCTGCCGCC 360
CCTGGGGGAT TAGCCAGAAG CAGGCTTGTT TTCCTGCTCA GAACAAAGTG ACTTCCCTGA 420
ACACATCTTC ATTATGATTC ACACCAACCT GAAGAAAAAG TTCAGTGCT GCGTCTGGT 480
CTTCTTCTG TTTGCAGTCA TCTGTGTGTG GAAGGAAAAG AAGAAAGGGA GTTACTATGA 540
55 TTCTTTAAA TTGCAAAACCA AGGAATTCCA GGTGTTAAAG AGTCTGGGGA AATTGGCCAT 600
GGGCTCTGAT TCCAGTCTG TATCTCAAG CAGCACCAG GACCCCAACA GGGGCCGCCA 660
GACCCCTCGG AGTCTCAGAG GCCTAGCCAA GGCCAAACCA GAGGCTCCT TCCAGGTGTG 720
GAACAAGGAC AGCTCTTCCA AAAACCTTAT CCCTAGGCTG CAAAAGATCT GGAAGAATTA 780

```

	CCTAAGCATG	AACAAGTACA	AAGTGTCTTA	CAAGGGGCCA	GGACCAGGCA	TCAAGTTCAG	840
	TGCAGAGGCC	CTGCGCTGCC	ACCTCCGGGA	CCATGTGAAT	GTATCCATGG	TAGAGGTCAC	900
	AGATTTTCCC	TTCAATACCT	CTGAATGGGA	GGGTATCTG	CCCAAGGAGA	GCATTAGGAC	960
	CAAGGCTGGG	CCTTGGGGCA	GGTGTGCTGT	TGTGTCTGCA	GCGGGATCTC	TGAAGTCCTC	1020
5	CCAACTAGGC	AGAGAAATCG	ATGATCATGA	CGCAGTCCTG	AGGTTTAAATG	GGGCACCCAC	1080
	AGCCAACCTC	CAACAAGATG	TGGGCACAAA	AACTACCATT	CGCCTGATGA	ACTCTCAGTT	1140
	GGTTACCACA	GAGAAGCGCT	TCCTCAAAGA	CAGTTTGTAC	AATGAAGGAA	TCCTAATTGT	1200
	ATGGGACCCA	TCTGTATACC	ACTCAGATAT	CCCAAAGTGG	TACCAGAATC	CGGATTATAA	1260
	TTTCTTTAAC	AACTACAAGA	CTTATCGTAA	GCTGCACCCC	AATCAGCCCT	TTTACATCCT	1320
10	CAAGCCCCAG	ATGCCCTTGGG	AGCTATGGGA	CATTCTTCAA	GAAATCTCCC	CAGAAGAGAT	1380
	TCAGCCAAAC	CCCCATCCT	CTGGGATGCT	TGGTATCATC	ATCATGATGA	CGCTGTGTGA	1440
	CCAGGTGGAT	ATTTATGAGT	CCCTCCCATC	CAAGCGCAAG	ACTGACGTGT	GCTACTACTA	1500
	CCAGAAGTTC	TTGATAGTGT	CCTGCACGAT	GGGTGCCTAC	CACCCGCTGC	TCTATGAGAA	1560
	GAATTTGGTG	AAGCATCTCA	ACCAGGGCAC	AGATGAGGAC	ATCTACCTGC	TTGGAAGAGC	1620
15	CACACTGCCT	GGCTTCCGGA	CCATTCACTG	CTAAGCACAG	GCTCCTCACT	CTTCTCCATC	1680
	AGGCATTAAA	TGAATGGTCT	CTTGGCCACC	CCAGCCTGGG	AAGAACATTT	TCCTGAACAA	1740
	TTCCAGCCTG	CTCCTTTTAC	TCTAGGGGCC	TCTGTGAGCA	AGACCATGGG	GACTTCAAGA	1800
	GCCTGTGGTC	AGGAAATCAG	GTCCAGCCTT	CCCTGTAGCC	AGACAGTTTA	TGAGCCCAGA	1860
	GCCTCCTGCC	ACACACATGC	ACACATATCT	AGCATTCTTT	CCAGACAGCA	TCCTCCCCGC	1920
20	CTTCCACCTT	GGTAGATGCA	AGGTCTATCT	CTCCCATCAG	GGGTGCCAAA	GCTGGGCTTT	1980
	GTTTTTCCCA	GCAGAATGAT	GCCATTCTCA	CAAAACCAATG	CTCTATATTG	CTTNGAAGTC	2040
	TGCATCTAAA	TATTGATTTT	ACGNTTTTAA	AGNAAATTCT	NNCTTAAATT	ACAATTGTGC	2100
	CCAATGCAGG	GTGGNCTCTN	NGGGGGGCAA	GTAGGTGGTA	CAGGGGATTG	GAAACATCCT	2160
	CCGCGCCTCC	AGAGAAAAGT	TGCTCCCAG	GTCCATGCCC	CTGGAACGTG	TTCTATCAC	2220
25	TCTGGCTGGT	TGGGCTGGTC	CTTAGACTGG	GTGCTTATGA	TTAAAAGGGT	CTTGGTTAAG	2280
	CCCACTTTCC	CTCTCCATGT	GGAGATGGAA	GGTAGAGAAG	GATACAGTGT	CTATCCTCAA	2340
	TTGTCTACGG	TTCAAGTAGA	GAGGCAGACA	TCTGAACAGG	NCAGGTAGGA	TTCAAGTGTG	2400
	TCAGTGCAC	GGGGATTGG	AGAGAGATGG	CGTTGCTCTC	TCTGTGCACC	CAGGAGGGCC	2460
	ACGCACTTAA	AACTGTGTTT	GTGGATCAGA	GAAGGCTTTA	TAGCACAGGG	GGCATTGAGA	2520
30	TGAGTCTTAG	AGGAAGAGAA	GAAACATGGC	AAGCAGATTA	CATCTGAGCC	GTTTGAATTG	2580
	TGTTTTTCTT	TCTTCCCATG	TTTATTTTCT	AAGATCTACC	TGAACCTAGN	AGACTCAAGA	2640
	TATTTTTTTA	GGAAACCTCC	TACCCATGTC	TGAGGTAGCA	AGTGCAGCCT	CACGACAGAT	2700
	ACCAGGCAAT	CCAGAGCCAC	AAAACGTGAT	TCCTCCAGGC	TCTGCCTGGC	CTGACCCTGT	2760
	CCTGTGACCT	GGGTTTACAT	ACCAGTCCCA	TTCTTCCTTT	TCAATACCTA	CCCCCAAATC	2820
35	TTCTCCTAAC	CACCATCTGT	TTTTTTTTAG	TTAAAGCATT	TTTTTGCTTTA	AAAGCATCCT	2880
	GACCCCAATT	TCTTTGAGCT	CACGGGCCTT	TTGCTGAAGG	TCTCTCAGGG	TGTAGTGGTG	2940
	TGGCTCTCTG	GACTTAACGT	CACTCTCAGN	AGGTGAGAAC	CTTNGGAGAT	CAGAAGTATG	3000
	TCTCACCAGG	TGTGAGAGGT	GTGGNTANGC	AGATTGCAAT	GCTCTGCACC	TCTTNCCTTG	3060
	CAAGTGAGNC	AACTTNCAGG	NCTCTCTGGG	NCAGAGGCTG	GCCCACTGTA	GTTTGACAGC	3120
40	ATGCTCTCCA	GATGGNTTTT	ACTAAGTCCC	CTCTCCCTGN	ATANGGGAAT	CCTGNCTGNC	3180
	ACCAGCGCAN	GCCCTNNGGT	GTNGGANNGA	GGTTNAAAAG	ACTTGNCACA	GGNATCACCA	3240
	AGTNCATGCT	GNTAGANGCC	AGGATTCCCTA	GACCCAGGGC	TCTGCACTCT	CAAGGCTGGC	3300
	CCCATGTGCT	CAAGGGGGTC	TAATGTTTGG	GCTCCAAACT	AACCATCTCG	GAGCTGGGCT	3360
	CCTCATTTAC	TGCCAAACCC	TCAGNCTTAT	GTAGCNTAGA	AAGGGCCCTG	GANGTGNAGA	3420
45	AAGCCTGGAT	TTTCAAATTG	ATGCTCCCTT	ACTNGACTAG	NCTGTGCCAC	TCNTGGGCAA	3480
	ATGCTCTTCC	TTGAGCCTGT	TTCCACACCT	GTAAAGTGGG	GATGATGATC	CTATCTCATC	3540
	GCTTTTNGTG	NAGGATTACA	GGNNAAAGCA	CCTGTCTCTG	CTCTGTACCT	GGCACGTAGT	3600
	ANGGTGCTCA	GTTTCATGCTG	GTTTCCTTCC	TGCCTTTAGT	AGGGACCTGC	TCTGTGCTCA	3660
	CACCTCGGCT	GCATGCACCC	TGCTGTGACG	GAGGCTAGTG	TGGAAGAGGT	CCTGTCTCTA	3720
50	GGGAATTAAC	TGTCTTATTG	GGAGACAACA	ACTGTCTCTC	TTGGAACACC	CAAGAAACCA	3780
	TGNCAAAGCA	GTGGACAACA	CAGAACACGN	CCCTCCTCCT	CGCTGCCTGC	AGCTNCCAAT	3840
	CTGATTCTGC	TTGGGAATGG	GCGGANACAG	NTGGGCTGCT	TAAGTGTGCT	ATAGGACAAG	3900
	CCCTCTACCC	CTCTCTGGGC	CCATGAATTC	CTGGCTTGGT	TTATGTTCTG	ATTTGACACA	3960
	CTGATTTTAA	TCTTCGAATC	ATGACACTGA	GTGCAGAGGA	GGTGGCATTG	CGACAGCAGG	4020
55	ACATACATGT	TNGGTGTGAA	GACTGGGACG	ACACTGGGTA	GAATCTAGTT	TTTAATTATT	4080
	ATTAATATAA	AGGATCAAAT	TAATTTAAAT	ATGAATCTGA	AGTCCACAGA	ACTTTNNNNN	4140
	AAGTGCTGTC	CAGGCCAACA	CTTTGGTAA	ATGCAAATTA	TGATATGGAC	GTTATCATTG	4200
	GTCTGGTGAG	ATGTTTTCATA	TTTGTGACAG	TTAATTTAAA	AATTATGACT	TAATGCTGCC	4260
	TGTGTCTATG	GGGTCTCTGT	TTCTTTGATA	GCCATCTATT	CATCTGGATC	ATGGGACCTT	4320
60	CTCTAATCCT	TCCACCAATC	AAATAAGCTA	TTGCTATTGG	TTTGGAGTTG	AGATATCAGT	4380
	CTCGGAAACT	TCTGAAAAAT	GCTAATAATT	ACCCAAGGAT	TATGTCAAAT	TTTAAATAAA	4440
	ATGTGTGTGT	GTTTCTTT					4458

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 615:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1562 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 615

```

25  TGGAGGCAGC TAGCGCGAGG GTGGGGAGCG CTGAGCCGCG CGTCGTGCCC TCGCCTGCCC 60
    AGACTAGCGA ACAATACAGT CAGGATGGCT AAAGGTGACC CCAAGAAACC AAAGGGCAAG 120
    ATGTCCGCTT ATGCCTTCTT TGTGCAGACA TGCAGAGAAG AACATAAGAA GAAAAACCCA 180
    GAGGTCCCTG TCAATTTTGC GGAATTTTCC AAGAAGTGCT CTGAGAGGTG GAAGACGATG 240
    TCCGGGAAAG AGAAATCTAA ATTTGATGAA ATGGCAAAGG CAGATAAAGT GCGCTATGAT 300
30  CGGGAAATGA AGGATTATGG ACCAGCTAAG GGAGGCAAGA AGAAGAAGGA TCCTAATGCT 360
    CCCAAAAGGC CACCGTCTGG ATTCTTCCTG TTCTGTTCAG AATTCCGCCC CAAGATCAAA 420
    TCCACAAACC CCGGCATCTC TATTGGAGAC GTGGCAAAA AGCTGGGTGA GATGTGGAAT 480
    AACTTAAATG ACAGTGAAAA GCAGCCTTAC ATCACTAAGA CGGCAAAGCT GAAGGAGAAG 540
    TACGAGAAGG ATGTTGCTGA CTATAAGTCG AAAGGAAAGT TTGATGGTGC AAAGGGTCCT 600
35  GCTAAAGTTG CCCGGA AAAA GGTGGAAGAG GAAGATGAAG AAGACGGGGG GGGGGGGGGG 660
    GGGGGGGGGG GGGGGACGTA TAGTCGGGTC GGCTGGTGGA GTAGCCCAAA AGAAGGGGAG 720
    CGCCGTAATT GACACATCTC TTATTTGAGA AGTGTCTGTT GCCCTCATTA GGTTTAATTA 780
    CAAAATTTGA TCACGATCAT ATTGTAAGTCT CTCAAAGTGC TCTAGAAATT GTCAGTGGTT 840
    TACATGAAGT GGCCATGGGT GTCTGGAGCA CCCTGAAACT GTATCAAAGT TGTACATATT 900
40  TCCAAACATT TTAAAATGA AAAGGCACTC TCGTGTCTC CTCACTCTGT GCACTTTGCT 960
    GTTGGTGTGA CAAGGCATTT AAAGATGTTT CTGGCATTTT CTTTTTATTT GTAAGGTGGT1020
    GGTAACATAT GTTATTGGCT AGAAATCCTG AGTTTTCAAC TGTATATATC TATAGTTTGT1080
    AAAAAGAACA AAACAACCGA GACAAACCTT TGATGCTCCT TGCTCGGCGT TGAGGCTGTG1140
    GGAAGATGCG CTTTTGGGAG AGGCTGTAGC TCAGGGCGTG CACTGTGAGG CTGGACCTGT1200
45  TGACTCTGCA GGGGGCATCC ATTTAGCTTC AGGTTGTCTT GTTTCTGTAT ATAGTGACAT1260
    AGCATTCTGC TGCCATCTTA GCTGTGGACA AAGGGGGGTC AGCTGGCATG AGAATATTTT1320
    TTTTTTTAAG TGCGGTAGTT TTAAACTGT TTGTTTTTAA ACAAACATA GAACCTTCA1380
    TTGTCAGCAA AGCAAAGAGT CACTGCATCA ATGAAAGTTC AAGAACCCTC TGTACTTAAA1440
    CACGATTTCG AACGTTCTGT TATTTTTTTT GTATGTTTAG AATGCTGAAA TGTTTTTTGAA1500
50  GTTAAATAAA CAGTATTACA TTTTAAAAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA 1562
    AA

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 616:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2278 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 616

20 GGCAATTTCC GTTAGGTGCT GAAGGCTGTG GCGCGCGGCT GTCCCCATTC CCACGTGAAG 60  
 CGCTACGCTA GCATCGCTCG GCTGGCGGCT CCCAGCTCGC CGCGGAGCAG TCCCGGCAGC 120  
 AGCGGGGGAC CGGAAGTGGC TCGCGGAGGC TCAGAAGCTA GTCCCGGAGC CCGGCGTGTG 180  
 GCGCCTCGGA GCACGGTGAC GCGCCATGT CCCTAATCTG CTCCATCTCT AACGAAATGC 240  
 25 CGGAGCACCC ATGTGTATCC CCTGTCTCTA ATCATGTTTA TGAGCGGCGG CTCATCGAGA 300  
 AGTACATTGC GGAGAATGGT ACCGACCCCA TCAACAACCA GCCTCTCTCC GAGGAGCAGC 360  
 TCATCGACAT CAAAGTTGCT CACCCAATCC GGCCCAAGCC TCCCTCAGCC ACCAGCATCC 420  
 CGGCCATTCT GAAAGCTTTG CAGGATGAGT GGGATGCAGT CATGCTGCAC AGCTTCACTC 480  
 TCGGCCAGAG CTGCAGACAA CCCGCCAAGA GCTGTACAC GCTCTGTACC AGCAGCATGC 540  
 30 CGCCTGCCGT GTCATTGCCC GTCTACCAA GGAAGTCACT GCTGCCCGAG AAGCTCTGGC 600  
 TACCCTGAAA CCACAGGCTG GCCTCATTGT GCGCCAGGCT GTGCCAAGTT CCAACCAAG 660  
 TGTTGTGGGT GCGGGTGAGC CAATGGATTT GGGTGAGCTG GTGGGAATGA CCCCAGAGAT 720  
 TATTCAAGAG CTTCAAGACA AAGCCACTGT GCTAACACAG GAGCGCAAGA AGAGAGGGAA 780  
 GACTGTGCCT GAGGAGCTGG TGAAGCCAGA AGAGCTCAGC AAATACCGGC AGGTGGCATC 840  
 35 CCACGTGGGG TTGCACAGTG CCAGCATTC TGGGATCCTG GCCCTGGACC TCTGCCCGTC 900  
 CGACACCAAC AAGATCCTCA CTGGTGGGGC GGATAAAAAT GTCGTGTGTG TTGACAAAAG 960  
 TTCTGAACAA ATCCTGGCTA CCCTCAAAGG CCATACCAAG AAGGTCACCA GCGTGGTGT1020  
 TCACCCTTCC CAGGACCTGG TGTTTTCTGC TTCCCCGAT GCCACTATCA GGATTTGGTC1080  
 GGTCCCCAAT GCCTCTTGTG TACAGGTGGT TCGGGCCCAT GAGAGTGCTG TGACAGGCCT1140  
 40 CAGCCTTCAT GCCACTGGCG ACTATCTCCT GAGCTCCTCC GATGATCAGT ACTGGGCTTT1200  
 CTCTGACATC CAGACAGGGC GTGTGCTCAC CAAGGTGACA GATGAGACCT CCGGCTGCTC1260  
 TCTCACCTGT GCACAGTTCC ACCCTGACGG ACTCATCTTT GGAACAGGAA CCATGGACTC1320  
 TCAGATCAAG ATCTGGGACT TGAAGGAACG TACTAATGTG GCCAACTTCC CTGGCCACTC1380  
 GGGCCCCATC ACTAGCATCG CCTTCTCTGA GAATGGTTAC TACCTGGCTA CAGCGGCTGA1440  
 45 TGACTCCTCT GTCAAGCTCT GGGATCTGCG CAAGTTAAGA ACTTTAAGAC TTTGCAGCTG1500  
 GATAACAAC TTTGAGGTAAA GTCACTGATC TTTGACCAGA GTGGTACCTA CCTGGCTCTT1560  
 GGGGGCACGG ATGTCCAGAT CTACATCTGC AAACAATGGA CGGAGATTCT TCACTTTACA1620  
 GAGCATAGCG GCCTGACCAC AGGGGTGGCC TTCGGGCATC ACGCCAAGTT CATCGCTTCA1680  
 ACAGGCATGG ACAGAAGCCT CAAGTTCTAC AGCCTGTAGG CCCTGGCCCT TCTGATGGAA1740  
 50 GCTGGGCCTC ATCTCAGTAG AGGGGTAGAA TTAGGGTTTG GGGGGGGGTG GGGGGAATCT1800  
 ATGGGGGGAG GGGGCTCTGT GGGGTGGGAC ATTCACATCA TTTCACTCTG GTCTGAGTGG1860  
 TGGCCTGAGA ACCATGGTGG CATGGACCAC CCTCATCCAT GCAACTCCAG GCCCCATGGG1920  
 AACGGATGTG GAAGGAAGAA CTGTCACCCT CTTAAGGCCC AGGGTCGGAG CCCAGGGCCT1980  
 CTCCTTCTCT GTCGTTCAAT GGACGTGGTG GTGGCTGTTC CACACCCATT TTGTTGCAGT2040  
 55 TCCCTGTGAG CAGGAGAGGC TGAGCGAAGG GAACTGTGAA GGGGATGGGC AGGAGGGCTT2100  
 GTGCAGGGTT TTGTAAGCAG TGATCTAGTT TCATTAAAAA AAGAAAACAA TAACCATAAC2160  
 CACCTCCCCG TGTCTGTCTG CACCAGGAGC ACCTGGGACT GGGAAAGTCAA GGGGAGGGAG2220  
 CACACACTGG GACACTGGCT TCCGGGAAGC CCATCTTCCT TTCCTTTCAC AGCTCTTA 2278

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 617:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 931 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 617

```

CAGGGGCGTG CAGCCCGCTT GCCAATCAGA GCGCGGCTGA GCGGCCCCGC AGCCAACCCC 60
CGAGGAGCGG CCGGCTGGCG TCCGCCGCGC CCAGGAGTTG GGGATGTCCT ACAAACCCAT120
CGCCCCTGCT CCCAGCAGCA CCCCTGGCTC CAGCACCCCT GGGCCGGGCA CCCCGTCCC180
TACAGGAAGC GTCCCGTCGC CGTCGGGCTC AGTGCCAGGA GCCGGCGCTC CTTTCAGACC240
GCTGTTTAAAC GACTTTGGAC CGCCTTCCAT GGGCTACGTG CAGGCGATGA AGCCACCCGG300
CGCCCAGGGC TCCCAGAGCA CCTACACGGA CCTGCTGTCA GTCATAGAGG AGATGGGCAA360
AGAGATCCGG CCTACCTATG CTGGCAGCAA GAGCGCCATG GAGCGCCTGA AGAGAGGTAT420
CATCCATGCC CGGGCCCTAG TCAGAGAGTG CCTGGCAGAG ACAGAGCCGA ACGCCCGCAC480
GTAACAGGAA GCGCCTCGGC CTCAGCGTCT GGACCTATCC GGCCACTGCA GAGCACCCGC540
TTCTCCCTGG CCTTCATCCC GAGTTGCACT AACCATCCTG GGCTTCCTGT CCTGTGTCCC600
TTGGTGGGTC CCCTCCAGGA ACCAAGGAGT GGCCCTCCAG GTGGCAGCAC TAAGGACACC660
CCCCACAAC AAGAGTTAGC AGCGAGGTCC CCATGAGTCC CACCCATGAC CTGCCGACAG720
TGTTGCCCAC CGGAACTTT GTGGCCCCTA CCGCTCAGCC CTTCCCAGCA CTTCTCCCAC780
TTTGTCCCGA GCCTCCTTCT CGCCCAGCAG GGGCACAGGC CTGGCACCTC CTGCCTTGT840
GTCCTGAGCC ATAGTGACTC TTTTATCTGT GTGTCTTTTG CTAAATATGC CCTTTTATA900
TTAATAAAAG ATGATTGGA GTTGTGCTCT C 931

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 618

(A) LÄNGE: 447 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 618:

```
ELPSSPPPGGL PEVAPDATST GLPDTAAPE TSTNYPVECT EGSAGPQSLP LPILEPVKNP 60
CSVKDQTPLQ LSVEDTTSPN TKPCPPTPTT PETWGGGGGG APSSTPCSAH LTPSSLFPSS120
LESSSEQKFY NFVILHARAD EHIALRVREK LEALGVDPGA TFCEDFQVPG RGELSCLQDA180
IDHSAFIILL LTSNFDCLRS LHQVNQAMMS NLTRQGSPPDC VIPFLPLESS PAQLSSDTAS240
LLSGLVRLDE HSQIFARKVA NTFKPHRLQA RKAMWRKEQD TRALREQSQH LDGERMQAAA300
LNAAYSAYLQ SYLSYQAQME QLQVAFGSHM SFGTGAPYGV RMPFGGQGPL GAPPPFPTWP360
GCPQPPPLHA WQAGTPPPPS PQPAAFPQSL FFPQSPAFPT ASPAPPQSPG LQPLIIHHAQ420
MVQLGLNNHM WNQRGSQAPE DKTQEAE 447
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 619

(A) LÄNGE: 205 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 619:

```
ADAGGGTERS LLSLPPELLV LPGTDGAAPG GFWEPHVIWD WGALWGQNAL WPGGAPGSPA 60
TLSHLAGVPA AATPARMAGW HPPTALPTAS SLSTVTALPA VPSLPYGLTR TPSEPRAATP120
HYPPRTDGTG GAEQPHVEPE RVPGARGQDA GGRMTACPCL TTWGTPLDPG IGQDPIEHGP180
LPCALWTVED EVICHFQDIV REFFI 205
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 620

(A) LÄNGE: 409 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 620:

KSRLSVTLMP VQLSEHPEWN ESMHSLRISV GGLPVLASMT KAADPRFRPR WKVILTFEFG 60  
 AAILWLLCSH RPAPGRPPPTH NAHNWRLGQA PANWYNDTYP LSPPQRTFAG IRYRIAVIAD120  
 5 LDTEPTAQDE NTWRSDLKKG YLTLSDSGDK VAVEWDKDHG VLESHLAEKG RGMELSDLIV180  
 FNGKLYSVDD RTGVVYQIEG SKAVPWVILS DGDGTVEKGF KAEWLAVKDE RLYVGGLGKE240  
 WTTTTGDVVN ENPEWVKVVG YKGSVDHENW VSNYNALRAA AGIQPPANLI HESACWSDTL300  
 QRWFFLPRRA SQERYSEKDD ERKGANLLS ASPDFGDIIV SHVGAVVPTH GFSSFKFIPN360  
 10 TDDQIIIVALK SEEDSGRVS YIMAFTLDGR FLLPETKIGS VKYEGIEFI 409

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 621

- (A) LÄNGE: 249 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 15 (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

## (iii) HYPOTHETISCH: ja

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 621:

KLSPDGLAQC FRFELNELDA FVFHASDLGL RQOEAPVQRE GHDVGGDSAA VLLGFEGHND 60  
 LVVGVGDELE GREAVSGDHR PDVAHSDVAE VRGGAQQQVG ALALVVLLAV ALLAGAARQE120  
 30 EPALQRVTPA GRLMDEVSWR LDAGSSPQGV VVGHPVLVH AALVAHHLHP LRVLVHHITR180  
 SGRPLLAQAA HVQTLVLHCQ PFGLEAFLHG AVAVGQNHG HGFAAFDLVD DPRPVIHGVE240  
 FPIENNQVG 249

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 622

- 35 (A) LÄNGE: 255 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

## (iii) HYPOTHETISCH: ja

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 622:

50 AAAPVSLHDA AGDLRRDPGG GGGGGVPHGG GEGQEVVPAE PGVPAPQHA E PVAAAGAAQQ 60  
 LQTEEQPGLQ RLRLGPVRGA ARGGDARVRG PRGDRRVNPE SARALLPGDP QGPGTAAPRA120  
 LGLPPRCEPV GAPLAALALA RERRERGRFP RPCKCLFFNS SQCELCCECV RGGAPALSRR180

RVATPCPCPM VCNSDFAHRS TVPPSAHPFT LTPTLSLNTF IIVRRGRWDF GRSAAATASG240  
GLIFIFALRW LKAFT 255

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 623

- 5 (A) LÄNGE: 196 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 623:

20 INAFSHRNAK ININPPDAVA AALRPKSQRP RLTIKVFSE SVGVSVNGCA LGGTVERCAK 60  
SELQTIGQGH GVATRRRLSA GAPPRTHSQQ SSHWHEELKNK HLQGRGKRPR SRRSRARASA120  
ARGAPTGSQR GGSPSARGAA VPGPCGSPGS RARALSGFTR RSPRGPRTRA SPPRAAPLTG180  
PSRSRWSPGC SSVCSG 196

25

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 624

- (A) LÄNGE: 242 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
30 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 624:

40 VESHRRATH TTVRSPETAR GWKPWPHRLS RYVHSPGRQP HGHGQHLFCF SGRRAFGGHP 60  
RQGARASLLA LGLENSPGGS SPEERLGRLA VAGPPRGAQN VSQAGPEAEA PPLRFGHAWG120  
45 AQTPLRGAPG PWTPLPTLPS HIPFFWSQTP AQRKEGFTEE GQGRAWPQGG DEDISGPGSC180  
RLLWEEPCV CKLLGLAARP TAGPSLDPCT WPSSCPLAAP GLGTGIEPRG LGWLGQGRDR240  
EG 242

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 625

- 50 (A) LÄNGE: 216 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 625:

```

15  GLVMPGELRR PGLGPOAHGL PSLCPPIFP LFGPRHQHKE RRGSRKARA EPGPREGMRT 60
    FPVQVAAGCS GRKSHASVNC WGWPPAPLQG PALTPARGHP AALWLPLALA QASSLEGWAG120
    WARAGTGRGS TSDPDVGWLC PPRREAQOTS YTKAKSTIGE PRSHFMGRRP RPQGPQSKAR180
    GRFIPEDSPP GAAPAWGGVS RPLGCLSVCG TPWSTP 216

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 626

(A) LÄNGE: 299 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 626:

```

35  PGISVSVDKM ESSPFNRRQW TSLSLRVTAK ELSLVNKNKS SAIVEIFSKY QKAAEETNME 60
    KKRSNTENLS QHFRKGTLTV LKKKWENPGL GAESHTDSL R NSSTEIRHRA DHPPAEVTSH120
    AASGAKADQE EQIHPRSLR SPPEALVQGR YPHIKDGEDL KDHSTESKKM ENCLGESRHE180
40  VEKSEISENT DASGKIEKYN VPLNRLKMMF EKGEPTQTKI LRAQSRASG RKISENSYSL240
    DDLEIGPGQL SSSTFDSEKN ESRRLNLEPR LSETSIKDRM AKYQAAVSKQ SSSPTIPMS 299

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 627

(A) LÄNGE: 94 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 627:

DSAPSPGFSH FFFNTVRVPF LKCWERFSVL LLFFSMFVSS AAFWYLENIS TIADDLFLLT60  
RESSLAVTLN DSEVHCRLN GDDSilSTDT EIPG 94

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 628

(A) LÄNGE: 765 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 628:

IRPVVQLTAI EILAWGLRNM KNFOMASITS PSLVVECGGE RVESVVIKLN KKTPNFPSSV 60  
LFMKVFLPKE ELYMPPLVIK VIDHRQFGRK PVVGQCTIER LDRFRCDPYA GKEDIVPQLK120  
ASLLSAPPCR DIVIEMEDTK PLLASKLTEK EEEIVDWWSK FDASSGEHEK CGQYIQKGYs180  
KLKIYNCELE NVAEFEGlTD FSDFKLYRG KSDENEDPSV VGEFKGSFRI YPLPDDPSVP240  
APPRQFRELP DSVPQECTVR IYIVRGLELQ PQDNNGLCDP YIKITLGKKV IEDRDHYIPN300  
TLNPVFGRMV ELSCYLPQEK DLKISVYDYO TFRDEKVG E TIIDLENRFL SRFGSHCGIP360  
EEYCVSGVNT WRDQLRPTQL LQNVARFKGF PQPILSEDGS RIRYGGRDYS LDEF EANKIL420  
HQHLGAPEER LALHILRTQG LVPEHVETRT LHSTFQPNIS QGKLQMWVDV FPKSLGPPGP480  
PFNITPRKAK KYYL RVIIWN TKDVILDEKS ITGEEMSDIY VKGWIPGNEE NKQKTDVHYR540  
SLDGEGNFNW RFVFPFDYLP AEQLCIVAKK EHFWSIDQTE FRIPPRLIQ IWDNDKFSLD600  
DYLGFLELDL RHTIIPAKSP EKRLDMIPD LKAMNPLKAK TASLFEQKSM KGWWPCYAEK660  
D GARVMAGKV EMTLEILNEK EADERPAGKG RDEPNMNP KL DLPNRPETSF LWFTNPCKTM720  
KFIVWRRFKW VIIGLLFLLI LLLFVAVLLY SLPNYLSMKI VKPNV 765

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 629

(A) LÄNGE: 289 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

## (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 629:

ETQVVIQRKL VIVPYLNDQP GWDSKFRVLN TPEMLFFRND TELFGWKVVK RENKSPVKIP 60  
FTIQRSVMDI CFLFVFFIAR NPAFDVDVTH FLSCDAFLVQ DNVLGVPDDH TQVVFLGFP120  
CDVERRAWWP QTLGENIHPH LKFSLGNVGL EGAVQSPCFH VLRDQPLSPE DVKSKPLFRG180  
PEVLVQDFVG FKFIQAVVSS SISDSTPIFG KDGLWEAFES GDILKQLCWS QLISPGIDSR240  
NTVLLWYAAV GPKAGKESVF QINNCFSYFF IPGKGVIID RNFQVFFLR 289

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 630

(A) LÄNGE: 824 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

## (iii) HYPOTHETISCH: ja

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 630:

RVSVLAAASS ALPVAPREAG VTNWPAGCVP EVRSTGEKEV AKTLHRRSRP EWCGARDPPA 60  
MLLFVLTCCL AVFPAISTKS PIFGPEEVNS VEGNSVSITC YYPPTSVMNRH TRKYWCRQGA120  
RGGCITLISS EGYVSSKYAG RANLTNFPEN GTFVVNIAQL SQDDSGRYK GLGINSRGLS180  
FDVSLEVSQG PGLLNDTKVY TVDLGRTVTI NCPFKTENAQ KRKSLYKQIG LYPVLVIDSS240  
GYVNPNTGR IRLDIQGTGQ RLFSVVINQL RLSDAGQYLC QAGDDSNSNK KNADLQVLKP300  
EPELVYEDLR GSVTFHCALG PEVANVAKFL CRQSSGENCD VVVNTLGKRA PAFEGRILLN360  
PQDKDGSFSV VITGLRKEDA GRYLCGAHSD GQLQEGSPIQ AWQLFVNEES TIPRSPTVVK420  
GVAGGSVAVL CPYNRKESKS IKYWCLWEGA QNGRCPLLVD SEGWVKAQYE GRLSLLEEPG480  
NGTFTVILNQ LTRSDAGFYW CLTNGDTLWR TTVEIKIIEG EPNLKVPGNV TAVLGETLKV540  
PCHFPCKFSS YEKYCKWNN TGCQALPSQD EGPSKAFVNC DENSRLVSLT LNLVTRADEG600  
WYWCGVKQGH FYGETAAVYV AVEERKAAGS RDVSLAKADA APDEKVLDSG FREIENKAIQ660  
DPRLFAEKA VADTRDQADG SRASVDSGSS EEQGGSSRAL VSTLVPLGLV LAVGAVAVGV720  
ARARHRKNVD RVSIRSRTD ISMSDFENSF EFGANDNMGA SSITQETSLG GKEEFVATTE780  
STTETKEPKK AKRSSKEEAE MAYKDFLLQS STVAAEAQDG PQEA 824

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 631

(A) LÄNGE: 267 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

## (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 631:

ADIAGPRCLP LFNCHIDGCS LSIEVALLHS TPVPALISPG HQVQGQGDGP AVLTVHEGL 60  
AGAFVLAGQG LAARVIPLAP VFLVRGEFAW KVTGDLESLS QHSRDIPWYL EVWFSFDNLD120  
LHGGPPESIA VGQTPVEAGV PAGELVEDDS EGAVAWLLQQ GEAAVLVLGN PPLAVHQQGA180  
AAILGPPFET PVLDAFAFLT VVGAEHGHRA SCHPLHHSQA AGNRGLLIDE ELPGLDRAAF240  
LQLTIRMGST QVAPCILLPQ ACDHHTTE 267

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 632

(A) LÄNGE: 140 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 632:

GETRVHSQQG GGIKAPSWDW FFREPGPLVK GLLGHVKQYL EQPRPWGYQV ERREGRRLLPC 60  
THLPWWAGFS LLGSTLPSPV HDTPRASPC PRPSYRLLFQ DITDNPERME KGGAWVPAVS120  
GQKEVACGNL RSPHPRFPKR 140

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 633

(A) LÄNGE: 127 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 633:

VFPCHLVGAG PTPATTSGTA KGSTRCDYPG PCWQLRIPGT CSDPVSGSSE SQEPRMRALC 60

SPSSKTQGSP PRKGAHVPQR GWLPGCYLFY PTSAAESQGE TASHPKPLGF SREKNLSQKH120  
DLFSGCK 127

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 634

- 5 (A) LÄNGE: 140 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 634:

20 HHQKHMQGKG SYWASGLLSP WLGRKGREDG WGSLEFGIDDV HEFGLEGSTT HKEAIHIRLA 60  
GQLLAGCP SH RASINDTGAL SHRIRDVGLQ PSSELLVYFL GLLGCCSLAS TNGPHRLIGQ120  
DDLAPVLHVI CDDLLVWWE G 140

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 635

- 25 (A) LÄNGE: 101 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 635:

KVIADNVKDW SKVVLAYEPV WAIGTGKTAT PQQAQEVHEK LRGWLKSNVS DAVAQSTRII 60  
YGGSVTGATC KELASQPDVD GFLVGGASLK PEFVDIINAK Q 101

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 636

- 45 (A) LÄNGE: 329 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 636:

DSIFPLWAVL ALSPPGIRVR MKKSSVSGMT AAGWVVWGEA EGKAALRLGV EFLEVWGGGR 60  
VFNLEKSQPA RAERECERGS SEGARNGVGG SGGRSVAVAL VHQHGVRLLG DLQQRVHVGA120  
APAPQVAGLP PLRAALVVVG AHLHHLGGLE HFHLALADLL DVEGEGWHLV DRGLGARVHH180  
15 VVGREGFAQL VPRRLQFLAP LGGHQARAQL VHALLOGVPR LLQVFLGLEA RLLQVLGTH240  
LGLLHLLLGE GLLEV VHAPQ ALRLIRSARD SSITSSTSTA SSDESSSAAA SSSGRSPSPS300  
SSPSFSGSAS DSFSDLMLLS LAGSFTSSW 329

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 637

20

(A) LÄNGE: 362 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 637:

35

GRLPGYPDRR GPGASSAGAQ AAEEPSGAGS EELIKSDQVN GVLVLSLLDK IIGAVDQIQL 60  
TQAQLEERQA EMEGAVQSIQ GELSKLGKAH ATTSNTVSKL LEKVRKVSVN VKTVRGSRLER120  
QAGQIKKLEV NEAELLRRRN FKVMYQDEV KLPKLSISK SLKESEALPE KEGEELGE180  
RPEEDAAALE LSSDEAVEVE EVIEESRAER IKRRACGAWT TSRRPSPRRR WRRPRCVPAR240  
40 TWRRRASRPR KTWRRRGTPW RSA 263

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 638

(A) LÄNGE: 205 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

45

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 638:

SGDLRLLVDT SKVQEAWVPS QDTHHTQELL AVQGSLSVSGY RPPGGFGAAP VHEDPHLLGP 60  
ASRGAPETAA FFFFFFFF EQHLRVGLLL LPPRLSPRPG PAWPVPNPVG WPGHLHQGGQ 120  
LLAGTNKPFH LAMVVVFSMD RGPETRAGRQ REHTSLGVGT SLXTPQQLXG PRXXFPXAVQ 180  
10 ASPXPGVCSL AWVELCHIXD KQXGG 205

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 639

(A) LÄNGE: 171 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
15 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 639:

PVTPRDXPGA GGGXSEGPMP HPGSRPXPL AXPAPXWXL APCGALTCWA RLXLGLSAPX 60  
30 LLIXDVTELD PSQAAHSWTW ASLHCXGKXX PRAXKLLRGX EAGAHPQASV FSAPPCPRFR120  
ASVHREHHHH GQVEGFISPC QQLSSLVQVA WPAHWIGDGP GWARSGAQSG R 171

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 640

(A) LÄNGE: 161 Aminosäuren  
35 (B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 640:

ISRNEGVLR GPKSPRSLLR SHSEPPALVL WRDHRLVPGT DYCKDTALVP TEKNTGQGEH 60  
TFSQYLATPH SELTITHGKW VHSSLWSDPA GLGRQEQHSS SSLSPRQRES LNCKRSGAYT120  
VREKEKGGRK GFSPRPPRDA HREGGKEREK SVLESEATLS K 161

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 641

(A) LÄNGE: 127 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 641:

CAYRTEKWKS HTVPCSPEVK LVLTLALRAF SSMEPLGLGR KARVSAHRHT SYLQDIDCLC 60  
RGSTGQPTAN TAASLVASL LPVHPGDYSW INLPKNSAFI MSLFCSKTQN GSLPPRGRPS120  
HHCIPNR 127

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 642

(A) LÄNGE: 136 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 642:

WGXRVRVVG WXRKPMKXGI PPEXHGPITA DGHRLXXLP PXGRCXXAD PKGXGLXALF 60  
XKXPPXEXCL LSXXPXXPVT HRAGMEFNGX FWXXTLVHGQ TSLLXGYXTR LKXKIVCCHS120  
SGXWSVCG LH RFHRNQ 136

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 643

(A) LÄNGE: 132 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 643:

GRXSRAWGLG CPSLLSPISL RLPVPPPRPP NLRPPATPGA PTXPXQNTAX LKXLELSXX 60  
LSGLGLMGXR AGTCTWVAXE AHEDXDTPRV PWTXYXRWSS XPXAIATXGX SLXXGRPQRE120  
XPXRVVXKXT TX 132

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 644

15 (A) LÄNGE: 131 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 644:

GVETTANSST SLRSTTLEKE VPVIFIHPLN TGLFRIKIQG ATGKFNMVIP LVDGMIVSRR 60  
ALGFLVRQTV INICRRKRLE SDSYSPMSA GNRKSPTLST STGTSSWSQS FILHFSRRLD120  
SRTAVLRPLN F 131

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 645

(A) LÄNGE: 86 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
40 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 645:

LTNMSDHLFG WLLLEMAVVM FSGLCQPTDP CQVLEILLLP RCYFSAGIKL LXVARPRTSK60  
DSCYSATVYT AHLSSHVLS SLVRLF 86

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 646

- 5  
(A) LÄNGE: 96 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 646:

KAPNPSVLHT VRMQLIADRC CELYICKRCF TTSAGFITAS WSRVAILPAI PAKQTPENYP60  
LRSGVLRKFL EPKIRRNPGI SFLRSKMYIQ LRPGEH 96

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 647

- 25  
(A) LÄNGE: 92 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 647:

SSACRCTTRS TGQQAASGR CGGPRGWGPS TGATPRQLTM NIPFQSIHFI TYEFLQEQVN60  
PHRTYNPQSH IISGGLAGAL AAAARGPLDV LR 92

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 648

- 45  
(A) LÄNGE: 280 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 648:

AVGSAALFKD GGGTSAAEA GAAGQRLRSV NCLAYDEAIM AQQDRIQQEI AVQNPLVSR 60  
LELSVLYKEY AEDDNIYQQK IKDLHKKYSY IRKTRPDGNC FYRAFGFSL EALLDDSKEL120  
QRFKAVSAKS KEDLVSQGFT EFTIEDFHNT FMDLIEQVEK QTSVADLLAS FNDQSTSDYL180  
VVYLRLLTSG YLQRESKFFE HFIEGGRTVK EFCQQEVEPM CKESDHIHII ALAQALSVSI240  
QVEYMDRGE GGTNPHIFPE GSEPKVYLLY RPHYDILYK 280

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 649

(A) LÄNGE: 244 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 649:

DHLQPQKNLC TCLAPGRGGQ QGSSGLEPAL FVEDIVSRP VEKVDLGLGA LREDVRIGGA 60  
ALAAVHVLHL DGHAELGQR NDVDVVALA HGLHLLAEL LDSPSTLDEV LEELALALQV120  
ARGEQPQVDH KVVGGALVIE GGQVQVDRGL LLHLLNQVHE RVVEILNCEF SEALGHQVFL180  
ALGRHSLEPL QLLAVIQQCL QVGESESPIE TVAVRPLAD VRVLFVEVLD LLLIDVVIFS240  
ILLV 244

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 650

(A) LÄNGE: 424 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

## (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 650:

5 LTTTCVSSSA PSKTS LIMNP HASTNGQLSV HTPKRESLSH EEHPHSHPLY GHGVCKWPGC 60  
EAVCEDFQSF LKHLNSEHAL DDRSTAQCRV QMQVVQLEL QLAKDKERLQ AMMTHLHVKS120  
TEPKAAPQPL NLVSSVTLSK SASEASPQSL PHTPTTPTAP LTPVTQGSPV ITTSMHTVG180  
10 PIRRRYSKY NVPISADIA QNQEFYKNAE VRPPFTYASL IRQAILESPE KQLTLNEIYN240  
WETRMFAYFR RNAATWKNV RHNLSLHKCF VRVENVKAV WTVDEVEFQK RRPQKISGNP300  
SLIKNMQSSH AYCTPLNAAL QASMAENSIP LYTTASMGNP TLGNLASAIR EELNGAMEHT360  
NSNESDSSPG RSPMQAVHPV HVKEEPLDPE EAEGPLSLVT TANHSPDFDH DRDYEDFVN420  
EDME 424

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 651

- 15 (A) LÄNGE: 117 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 651:

30 STNAGCTAVR ATACKRQRAP ASHDDPPACE VYRTQSRPSA LESGIKCHSL QVRIGGFSTE 60  
LTSYSNDPNR PPDSRHRPL CHNNHQHAHG GTHPQAVLRQ IQRAHFVSRY CAEPRIL 117

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 652

- 35 (A) LÄNGE: 426 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 45 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 652:

50 PEAGLFSCSE QSDFPFHFIF MIHTNLKKKF SCCVLVFLLF AVICVWKEKK KGSYYDSFKL 60

QTKEFQVLKS LGKLAGSDS QSVSSSTQD PHRGRTLGSLRGLAKAKPE ASFQVWNKDS120  
 SSKNLIPRLQ KIWKNYLSMN KYKVSYPGPG PGIKFSAEAL RCHLRDHVNV SMVEVTDFFP180  
 NTSEWEGYLP KESIRTKAGP WGRCAVVSSA GSLKSSQLGR EIDDHDAVLR FNGAPTANFQ240  
 QDVGTKTITR LMNSQLVTTE KRFLKDSLYN EGILIVWDPS VYHSDIPKQY QNPDYNFFNN300  
 5 YKTYRKLHPN QPFYILKPQM PWELWDILQE ISPEEIQPNP PSSGMLGIII MMTLCDQVDI360  
 YESLPSKRKT DVCYYYQKFF DSACTMGAYH PLYEKNLVK HLNQGTDEDI YLLGKATLPG420  
 FRTIHC 426

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 653

- 10 (A) LÄNGE: 139 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 20 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 653:

25 RCVQGSFVL SRKTSLLLAN PPGAAGPSGP QELALLSMGG KQYVWVCRPRP IFLRMIKTHL 60  
 CWFMTCAAG FGDAEVCRSI SGGLDAVLFP SLWCWLCGLC GTFCPLARCT LGRGGCGCSA120  
 RSVAARSAP TPVGIGSLC 139

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 654

- 30 (A) LÄNGE: 243 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 40 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 654:

45 WRQLARGWGA LSRASCPALP RLANNTVRMA KGDPPKPKGK MSAYAFFVQT CREEHKKKNP 60  
 EVPVNFAEFS KKCSEWRKTM SGKEKSKFDE MAKADKVRYP REMKDYGPAK GGKDKDPNA120  
 PKRPPSGFFL FCSEFRPKIK STNPGISIGD VAKKLGEWVN NLNDSEKQPY ITKTAKLKEK180  
 50 YEKDVADYKS KGFDFGAKGP AKVARKKVEE EDEEDGGGGG GGGGTYSRV GWWSSPKEGE240  
 RRN 243

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 655

- (A) LÄNGE: 110 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 655:

TEQESRRWP FGSIRILL L ASLSWSIILH FPIIAHFICL CHFIKFRFLF PGHRLPPLRA 60  
LLGKFRKIDR DLWVFLMFF SACLHKEGIS GHLALWFLGV TFSHPDCIVR 110

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 656

- (A) LÄNGE: 356 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 656:

VGCSHAAQLH SAPELQTTRQ ELSHALYQHD AACRVIARLT KEVTAAREAL ATLKPOAGLI 60  
VPQAVPSSQP SVVGAGEPMD LGELVGMTPE IIQKLQDKAT VLTTERKKRG KTVPEELVKP120  
EELSKYRQVA SHVGLHSASI PGILALDLCP SDTNKILTGG ADKNVVVFDK SSEQILATLK180  
GHTKKVTSVV FHPSQDLVFS ASPDATIRIW SVPNASCVQV VRAHESAVTG LSLHATGDYL240  
LSSSDQYWA FSDIQTGRVL TKVTDETS GC SLTCAQFHPD GLIFGTGTMD SQIKIWDLKE300  
RTNVANFPGH SGPITSIAFS ENGYLATAA DDSSVKLWDL RKLRTLRLCS WITTLR 356

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 657

- (A) LÄNGE: 240 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 657:

LAQIPELDRG VISRCSQVVT ILREGDASDG ARVAREVGHI STFLQVPDLD LRVHGSCSKD 60  
ESVRVELCTG ERAAGGLICH LGEHTPCLDV RESPVLIIGG AQEIVASGMK AEACHSTLMG120  
PNHLYTRGIG DRPNPDSGIG GSRKHQVLGR VKHHAGDLLG MAFEGSQDLF RTFVKHNDIF180  
IRPTSEDLVG VGRAEVQGD PRNAGTVQPH VGCHLPVFAE LFWLHQLLRH SLPSLLALRG240

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 658

(A) LÄNGE: 162 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 658:

EHNSKSSFIN IKRAYLAKDT QIKESLWLRT QGREVPGLCP CWARRRLGTK WEKCWEGLSG 60  
RGHKSSGGQH CRQVMGGTHG DLAANSCCGG VSLVLPGGP LLGSRGPTK GHRTGSPGWL120  
VQLGMKAREK RVLCSGRIGP DAEAEALPVT CGRSALSLPG TL 162

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 659

(A) LÄNGE: 148 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 659:

5 RLWTA FHGLR AGDEATRRPG LPEHLHGPAV SHRGDGQRDP AYLCWQQERH GAPEERYHPC 60  
PGPSQRPGR DRAERPHVTG SASASASGPI RPLQSTRESL AFIPSCNHP GLPVLCPLVG120  
PLQEPRSGPP GGSTKDTTPQ QELAARSP 148

**Patentansprüche**

1. Eine Nukleinsäure-Sequenz, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodiert,  
umfassend
  - a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe Seq. ID No 1-88, 90-96,  
98-120, 123-140, 142-144, 597-617.
  - b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen  
oder
  - c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten  
Nukleinsäure-Sequenzen ist.
2. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq. ID No 1-157, 597-  
617, oder eine komplementäre oder allelische Variante davon.
3. Nukleinsäure-Sequenz Seq. ID No 1-157, 597-617, dadurch gekennzeichnet, daß  
sie in Pankreastumorgewebe erhöht exprimiert sind.
4. BAC, PAC und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre  
chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID No 1-157,  
597-617, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.
5. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch  
gekennzeichnet, daß sie eine 90% ige Homologie zu einer humanen  
Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
6. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch  
gekennzeichnet, daß sie eine 95% ige Homologie zu einer humanen  
Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
7. Eine Nukleinsäure-Sequenz, umfassend einen Teil der in den Ansprüchen 1 bis 6  
genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß  
sie mit den Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 6 hybridisieren.
8. Ein Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch  
gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50  
bis 4500 bp aufweist.

9. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4000 bp aufweist.

5

10. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodiert.

10

11. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, zusammen mit mindestens einer Kontroll- oder regulatorischen Sequenz.

15

12. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß Anspruch 11, worin die Kontroll- oder regulatorische Sequenz ein geeigneter Promotor ist.

20

13. Eine Expressionskassette gemäß einem der Ansprüche 11 und 12, dadurch gekennzeichnet, daß die auf der Kassette befindlichen DNA-Sequenzen ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.

25

14. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 10 zur Herstellung von Vollängen-Genen.

30

15. Ein DNA-Fragment, umfassend ein Gen, das aus der Verwendung gemäß Anspruch 14 erhältlich ist.

35

16. Wirtszelle, enthaltend als heterologen Teil ihrer exprimierbaren genetischen Information ein Nukleinsäure-Fragment gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10.

40

17. Wirtszelle gemäß Anspruch 16, dadurch gekennzeichnet, daß es ein prokaryontisches oder eukaryontische Zellsystem ist.

45

18. Wirtszelle gemäß einem der Ansprüche 16 oder 17, dadurch gekennzeichnet, daß das prokaryontische Zellsystem E. coli und das eukaryontische Zellsystem ein tierisches, humanes oder Hefe-Zellsystem ist.

50

19. Ein Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids oder eines Fragments, dadurch gekennzeichnet, daß die Wirtszellen gemäß den Ansprüchen 16 bis 18 kultiviert werden.

20. Ein Antikörper, der gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet ist, welches von den Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No 1-157, 597-617 kodiert wird, das gemäß Anspruch 19 erhältlich ist.

21. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20, dadurch gekennzeichnet, daß er monoklonal ist.

22. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20 dadurch gekennzeichnet, daß er ein Phage-Display-Antikörper ist.

23. Polypeptid-Teilsequenzen, gemäß den Sequenzen Seq. ID No 158-596, 618-659.

24. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 23, mit mindestens 80%iger Homologie zu diesen Sequenzen.

25. Ein aus einem Phage-Display hervorgegangenes Polypeptid, welches an die Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 23 binden kann.

26. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 23, mit mindestens 90%iger Homologie zu diesen Sequenzen.

27. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No 158-596, 618-659, als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Pankreastumor.

28. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No 1-157, 597-617 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Pankreastumor verwendet werden können.

29. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 1-157, 597-617 in sense oder antisense Form.

30. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No 158-596, 618-659 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung des Pankreastumors.

31. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No 158-596, 618-659, zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung gegen den Pankreastumor.

32. Arzneimittel, enthaltend mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No 158-596, 618-659.

33. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine genomische Sequenz ist.

34. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine mRNA-Sequenz ist.

35. Genomische Gene, ihre Promotoren, Enhancer, Silencer, Exonstruktur, Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No 1-157, 597-617.

36. Verwendung der genomischen Gene gemäß Anspruch 33 zusammen mit geeigneten regulativen Elementen.

37. Verwendung gemäß Anspruch 36, dadurch gekennzeichnet, daß das regulative Element ein geeigneter Promotor und/ oder Enhancer ist.

38. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 300 bis 3500 bp aufweist.

## Systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank

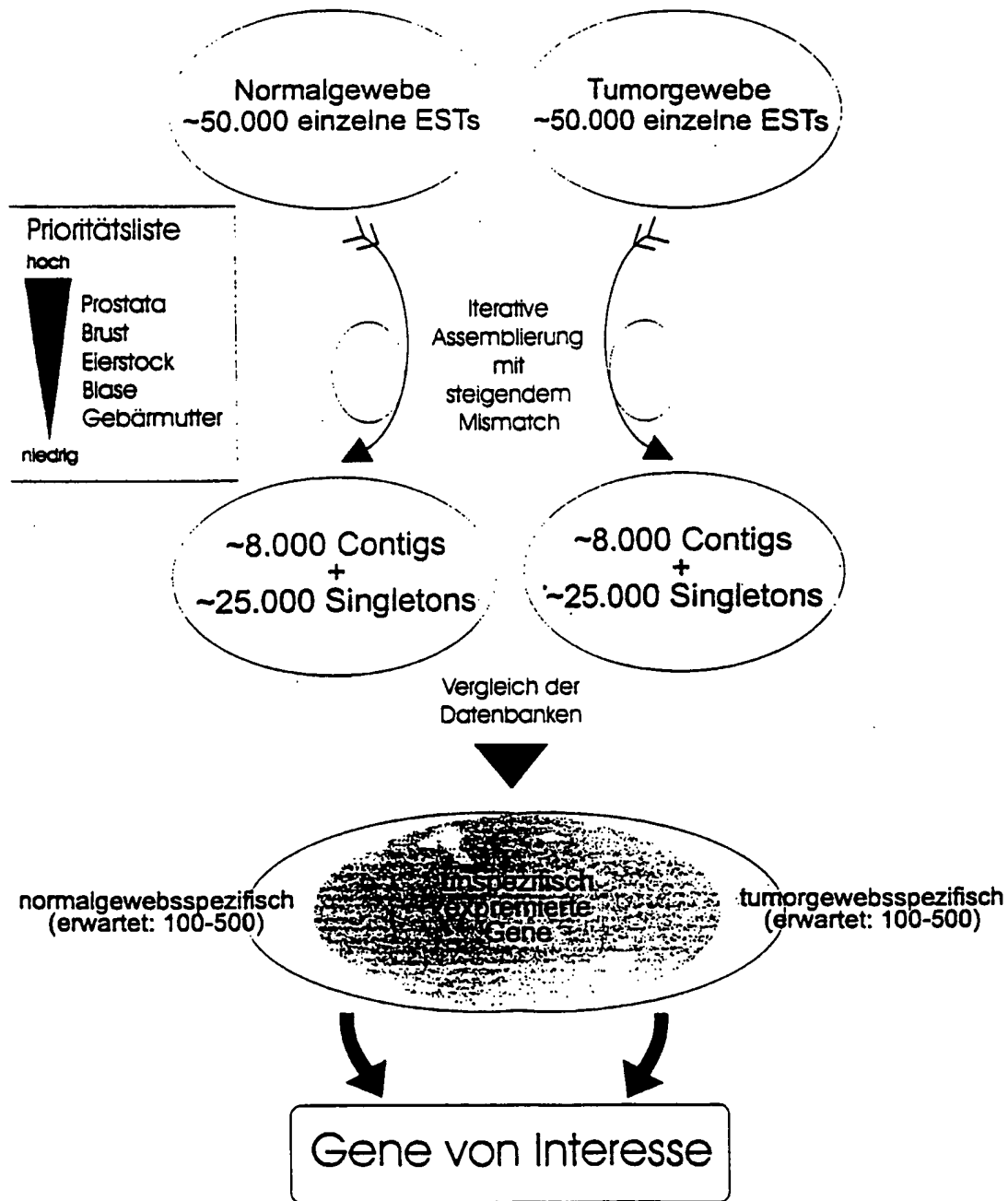


Fig. 1

## Prinzip der EST-Assemblierung

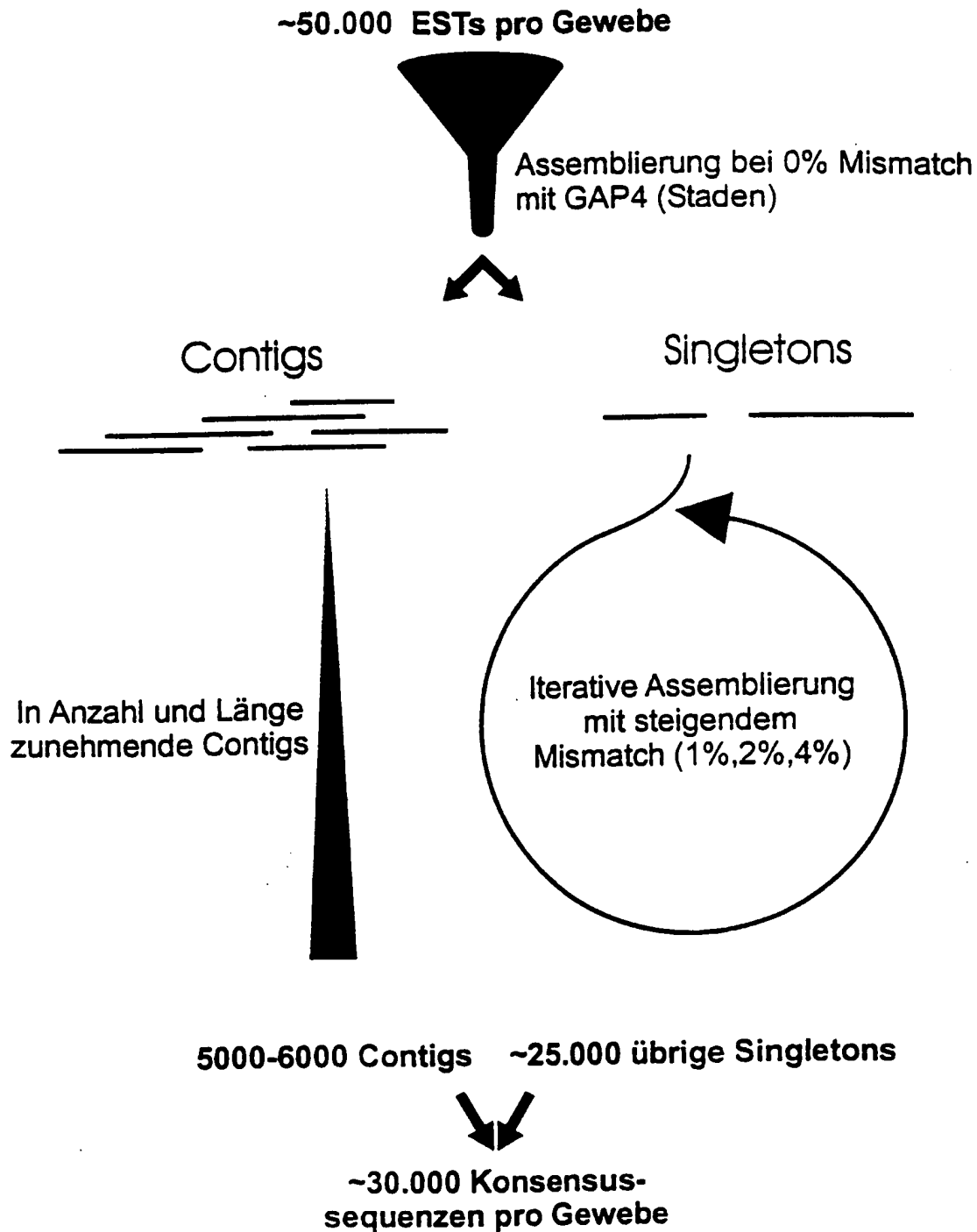


Fig. 2a

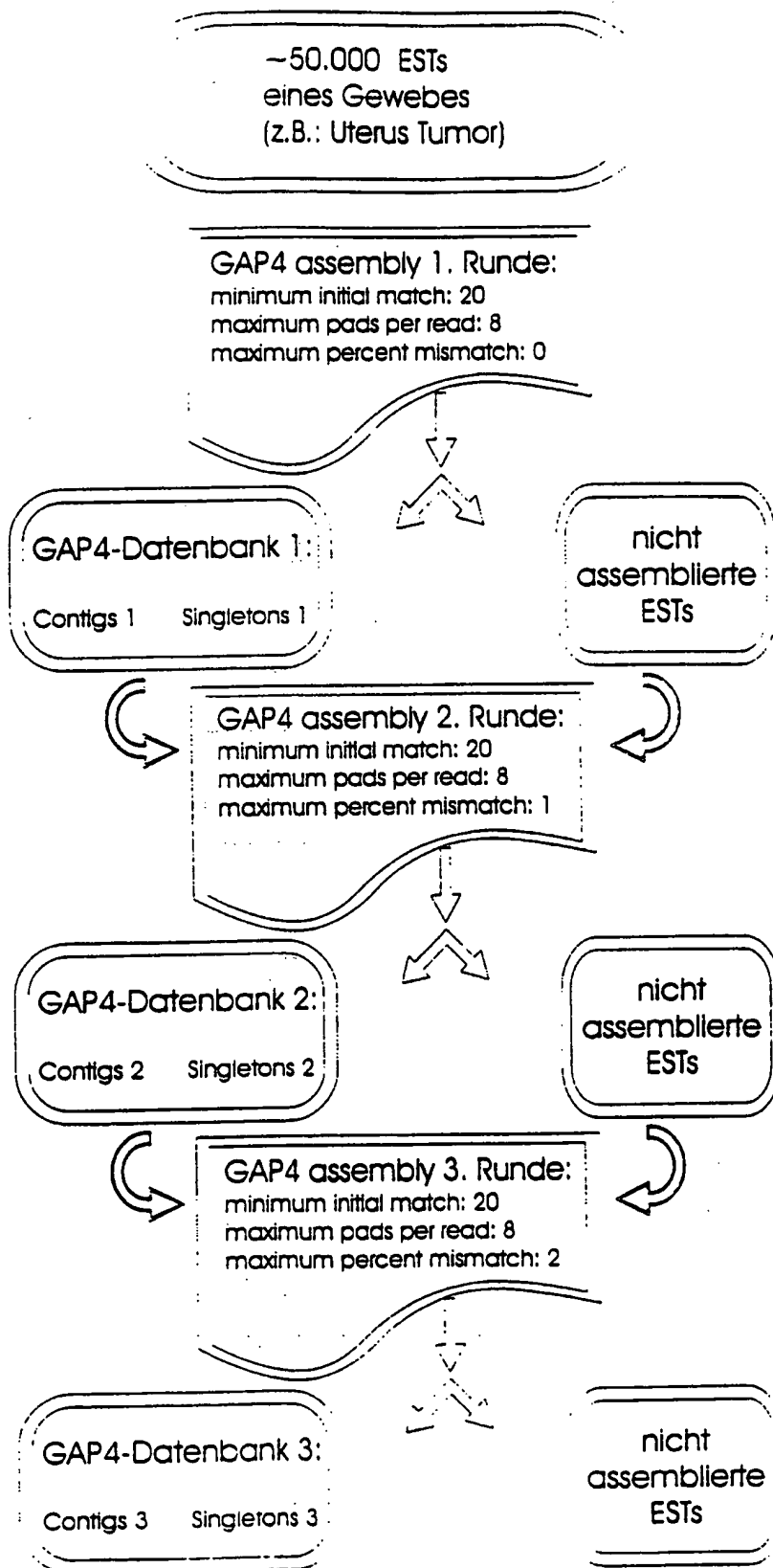


Fig. 2b1

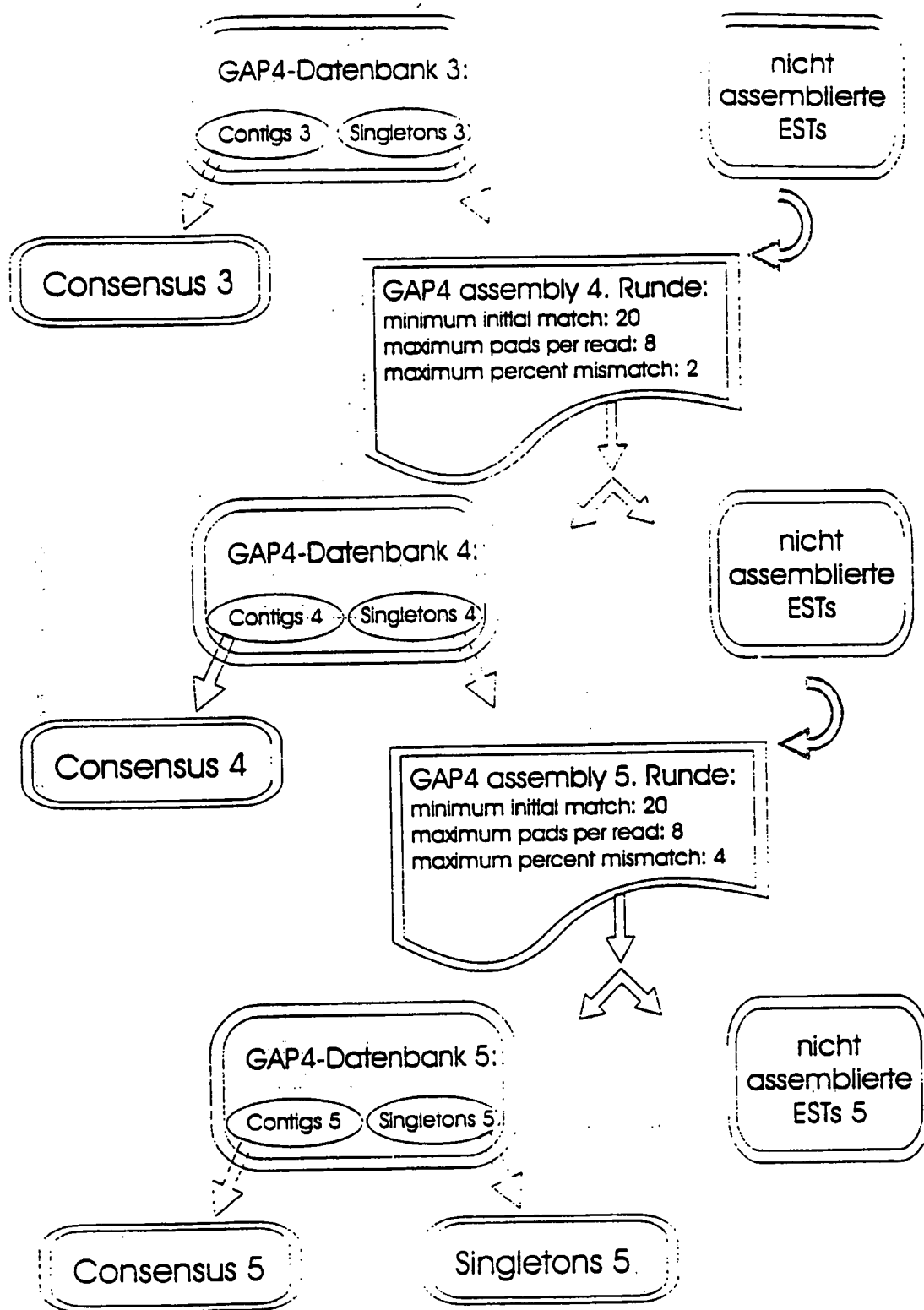


Fig. 2b2

5 / 10

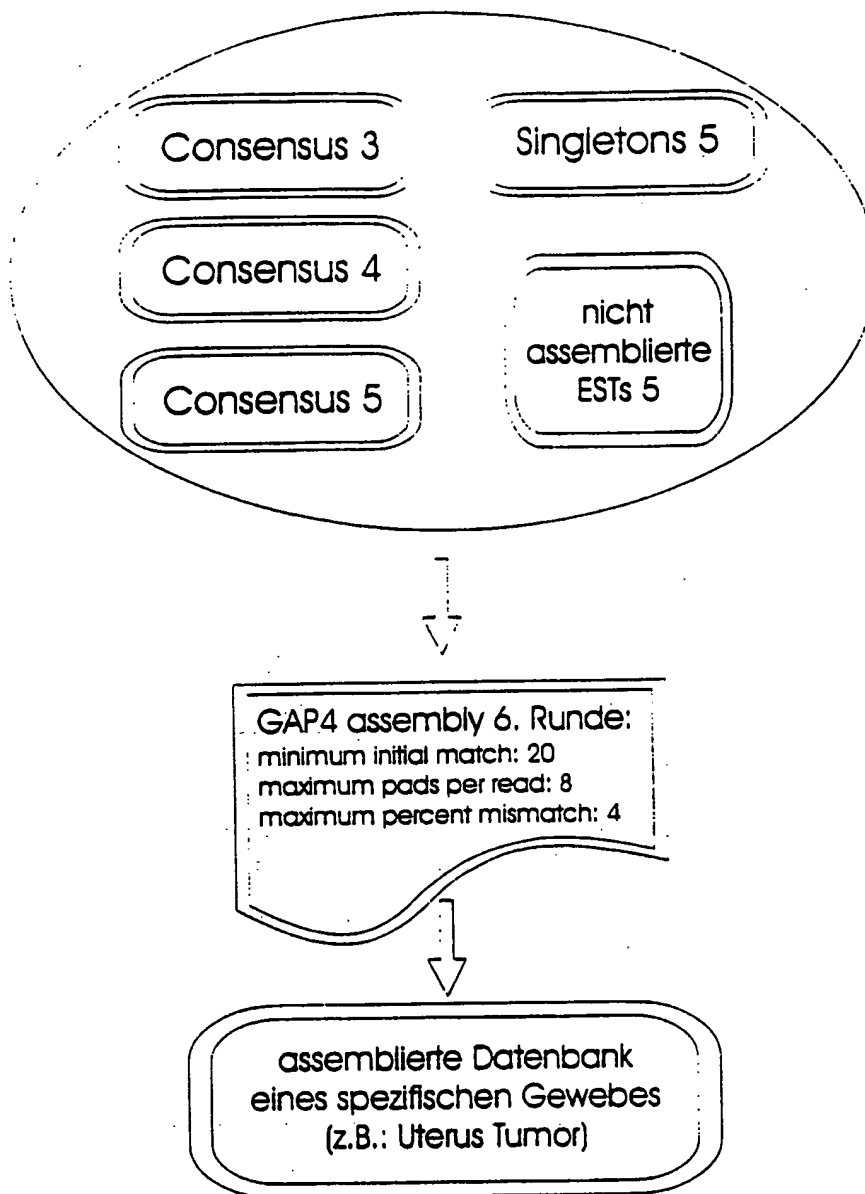


Fig. 2b3

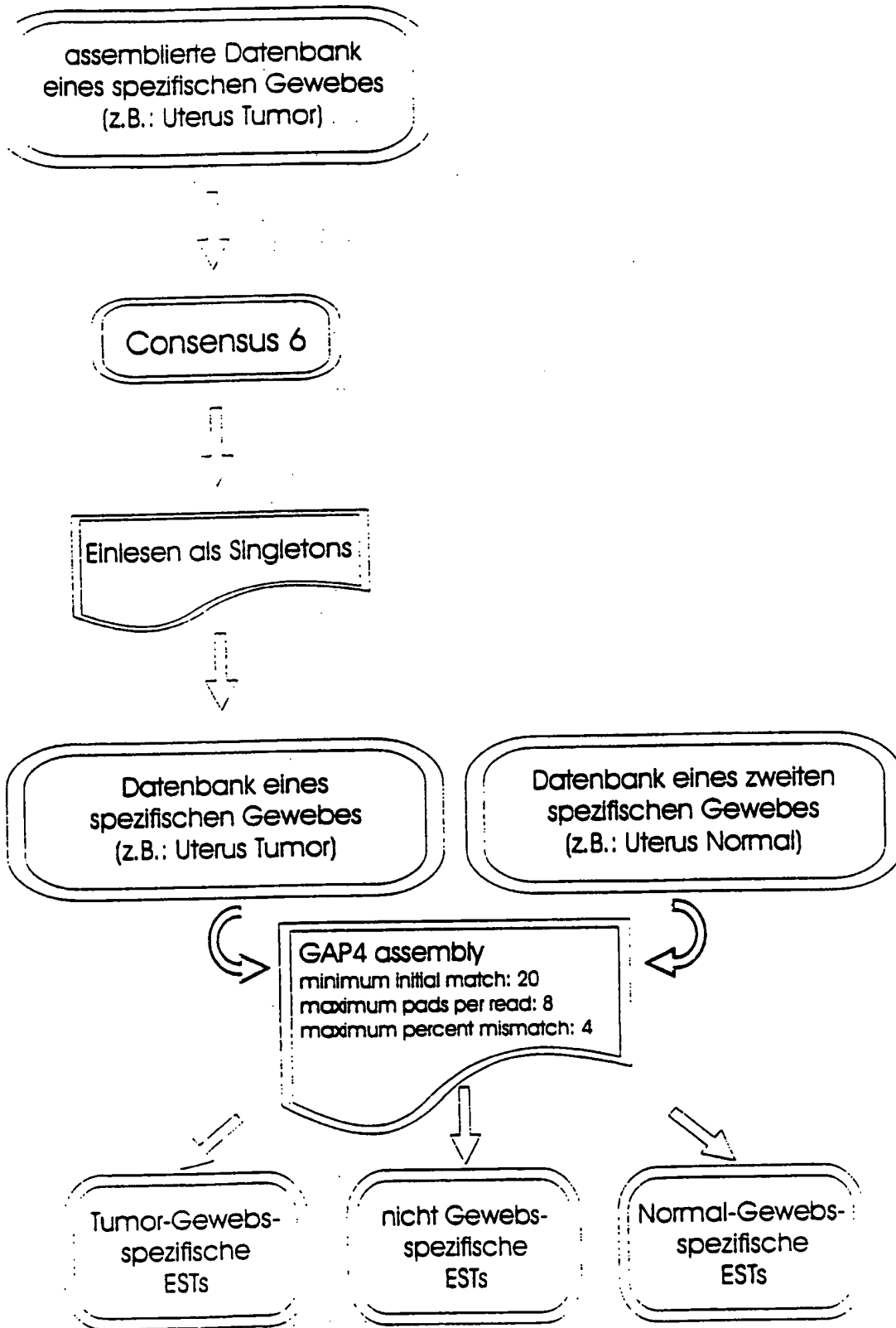


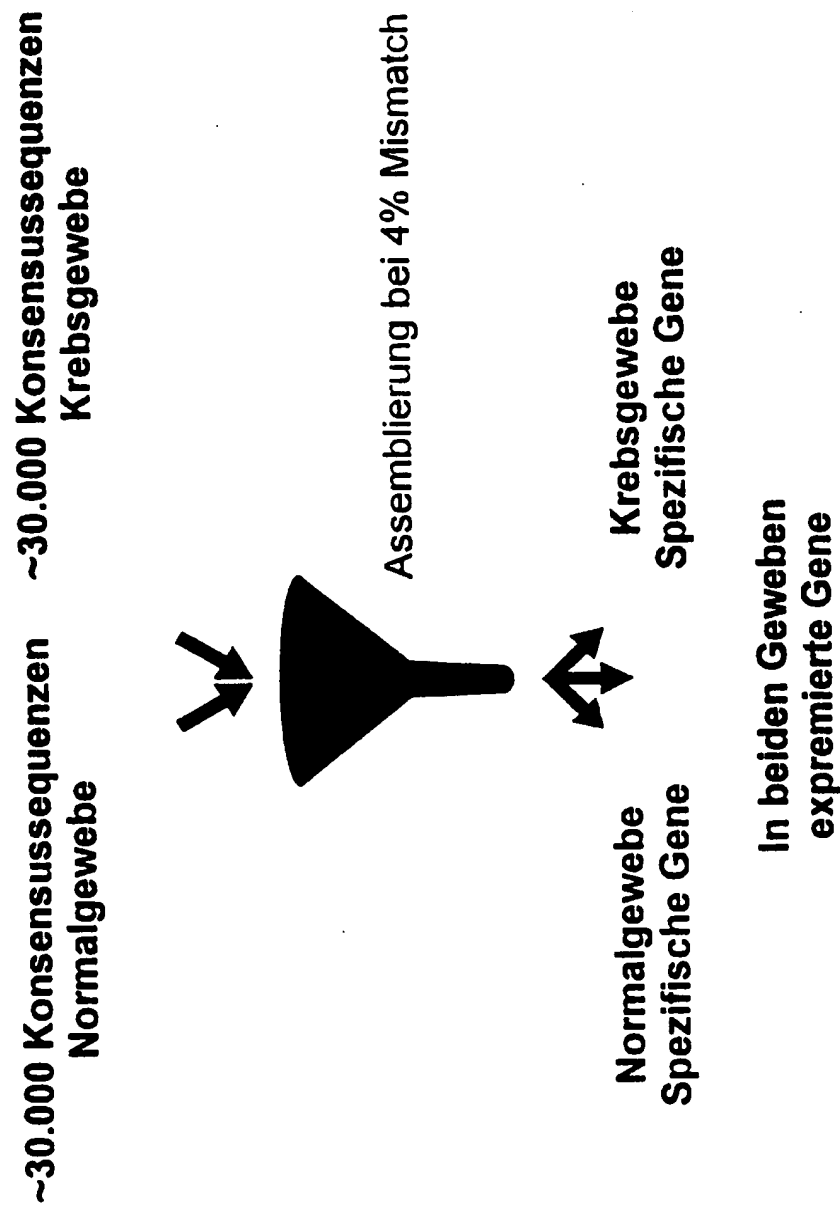
Fig. 2b4

# In silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben

WO 99/55858

7 / 10

PCT/DE99/01258



metaGen  
Genetik für die Krebsforschung

Fig. 3

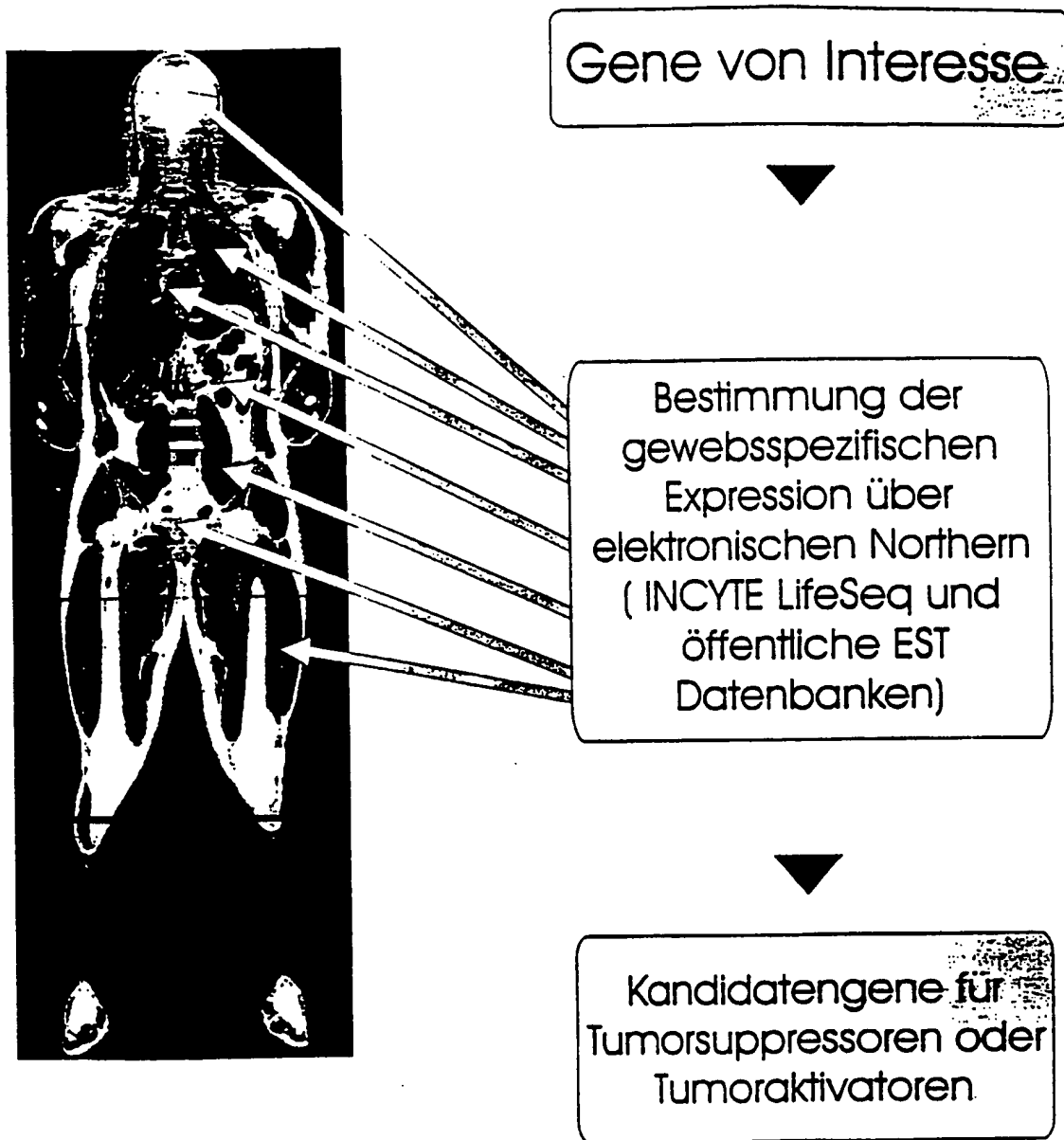


Fig. 4a

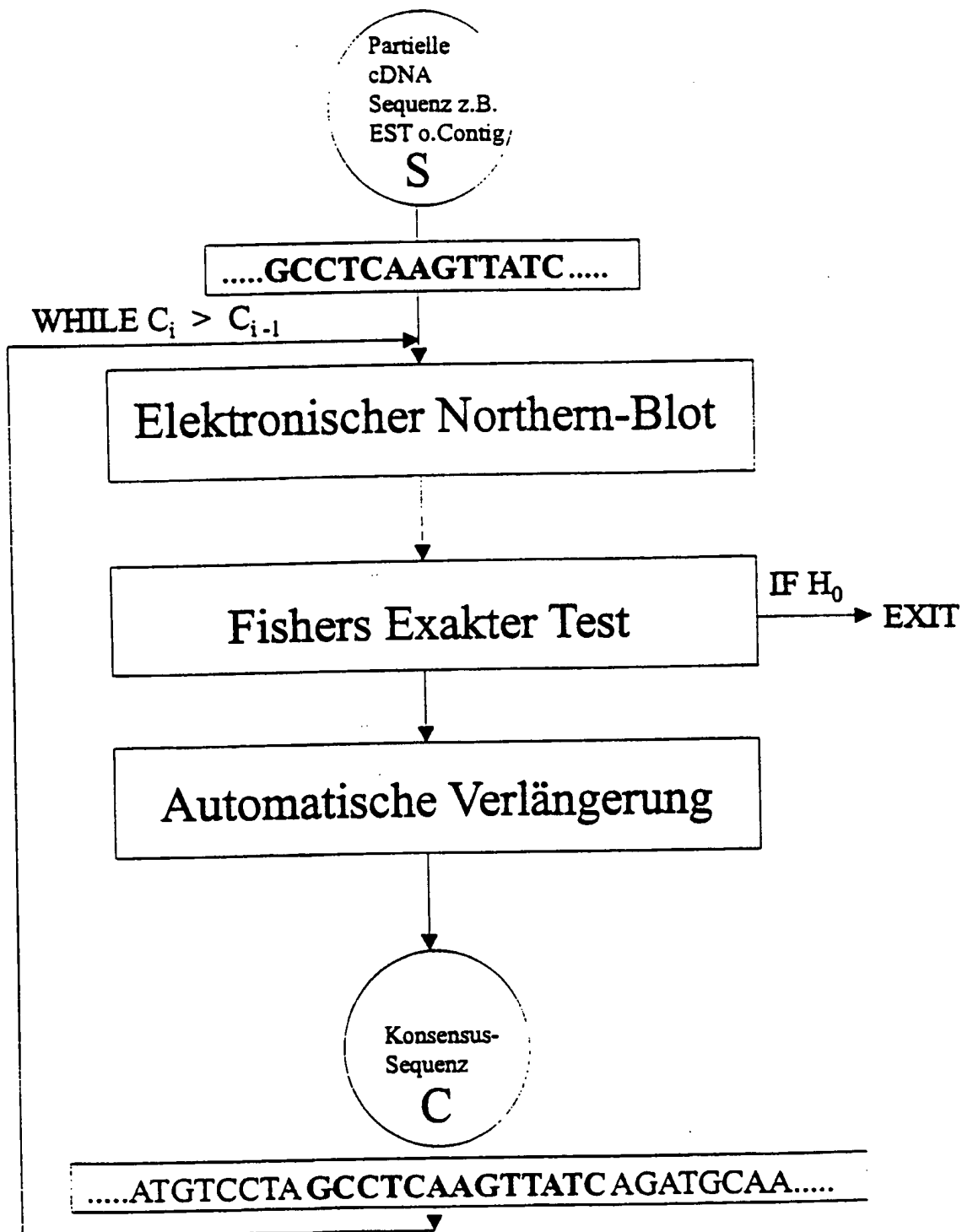


Fig. 4b

Isolieren von genomischen BAC und PAC Klonen



Chromosomale Klon-Lokalisation über FISH



Hybridisierungssignal



Sequenzierung von Klonen, die in Regionen lokalisiert sind, die chromosomale Deletionen in Prostata- und Brustkrebs aufweisen, führt zur Identifizierung von Kandidatengenen



Bestätigung der Kandidatengene durch Screening von Mutationen und/oder Deletionen in Krebsgeweben

Fig. 5

**This Page is Inserted by IFW Indexing and Scanning  
Operations and is not part of the Official Record**

**BEST AVAILABLE IMAGES**

Defective images within this document are accurate representations of the original documents submitted by the applicant.

Defects in the images include but are not limited to the items checked:

- ☐ BLACK BORDERS
- ☐ IMAGE CUT OFF AT TOP, BOTTOM OR SIDES
- ☒ FADED TEXT OR DRAWING
- ☒ BLURRED OR ILLEGIBLE TEXT OR DRAWING
- ☐ SKEWED/SLANTED IMAGES
- ☐ COLOR OR BLACK AND WHITE PHOTOGRAPHS
- ☐ GRAY SCALE DOCUMENTS
- ☐ LINES OR MARKS ON ORIGINAL DOCUMENT
- ☐ REFERENCE(S) OR EXHIBIT(S) SUBMITTED ARE POOR QUALITY
- ☐ OTHER: \_\_\_\_\_

**IMAGES ARE BEST AVAILABLE COPY.**

**As rescanning these documents will not correct the image problems checked, please do not report these problems to the IFW Image Problem Mailbox.**